

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

DEISE DOS SANTOS NASCIMENTO

O IMPACTO DOS BANCOS DE PERFIS GENÉTICOS NO CONTROLE DO CRIME

CURITIBA  
2021

DEISE DOS SANTOS NASCIMENTO

O IMPACTO DOS BANCOS DE PERFIS GENÉTICOS NO CONTROLE DO CRIME

Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Direito da Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Jurídicas, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Direito do Estado.

Área de Concentração: Direito do Estado. Linha de Pesquisa: Direito, Poder e Controle.

Orientador: Prof.<sup>a</sup> Dra.<sup>a</sup> Clara Maria Roman Borges

CURITIBA

2021

N244i

Nascimento, Deise dos Santos

O impacto dos bancos de perfis genéticos no controle do crime [meio eletrônico] / Deise dos Santos Nascimento. - Curitiba, 2021.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Jurídicas, Programa de Pós-graduação em Direito. Curitiba, 2021.

Orientadora: Clara Maria Roman Borges.

1. Genética forense. 2. Investigação criminal. 3. Crime.  
I. Borges, Clara Maria Roman. II. Título. III. Universidade Federal do Paraná.

CDU 57.08

**Catalogação na publicação - Universidade Federal do Paraná**  
**Sistema de Bibliotecas - Biblioteca de Ciências Jurídicas**  
**Bibliotecário: Pedro Paulo Aquilante Junior - CRB-9/1626**

ATA Nº139

## ATA DE SESSÃO PÚBLICA DE DEFESA DE MESTRADO PARA A OBTENÇÃO DO GRAU DE MESTRE EM DIREITO

No dia dezoito de junho de dois mil e vinte e um às 13:30 horas, na sala REMOTA, CONFORME AUTORIZA PORTARIA 36/2020-CAPEES, foram instaladas as atividades pertinentes ao rito de defesa de dissertação da mestrandia **DEISE DOS SANTOS NASCIMENTO**, intitulada: **O impacto dos bancos de perfis genéticos no controle do crime.**, sob orientação da Profa. Dra. CLARA MARIA ROMAN BORGES. A Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em DIREITO da Universidade Federal do Paraná, foi constituída pelos seguintes Membros: CLARA MARIA ROMAN BORGES (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ), ANDRE RIBEIRO GIAMBERARDINO (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ), FLÁVIO BORTOLOZZI JUNIOR (UNIVERSIDADE POSITIVO). A presidência iniciou os ritos definidos pelo Colegiado do Programa e, após exarados os pareceres dos membros do comitê examinador e da respectiva contra argumentação, ocorreu a leitura do parecer final da banca examinadora, que decidiu pela APROVAÇÃO. Este resultado deverá ser homologado pelo Colegiado do programa, mediante o atendimento de todas as indicações e correções solicitadas pela banca dentro dos prazos regimentais definidos pelo programa. A outorga de título de mestre está condicionada ao atendimento de todos os requisitos e prazos determinados no regimento do Programa de Pós-Graduação. Nada mais havendo a tratar a presidência deu por encerrada a sessão, da qual eu, CLARA MARIA ROMAN BORGES, lavrei a presente ata, que vai assinada por mim e pelos demais membros da Comissão Examinadora.

CURITIBA, 18 de Junho de 2021.

Assinatura Eletrônica

18/06/2021 14:54:44.0

CLARA MARIA ROMAN BORGES

Presidente da Banca Examinadora (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ)

Assinatura Eletrônica

18/06/2021 14:53:17.0

ANDRE RIBEIRO GIAMBERARDINO

Avaliador Interno (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ)

Assinatura Eletrônica

18/06/2021 15:04:38.0

FLÁVIO BORTOLOZZI JUNIOR

Avaliador Externo (UNIVERSIDADE POSITIVO)

## TERMO DE APROVAÇÃO

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em DIREITO da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da dissertação de Mestrado de **DEISE DOS SANTOS NASCIMENTO** intitulada: **O impacto dos bancos de perfis genéticos no controle do crime.**, sob orientação da Profa. Dra. CLARA MARIA ROMAN BORGES, que após terem inquirido a aluna e realizada a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua APROVAÇÃO no rito de defesa.

A outorga do título de mestre está sujeita à homologação pelo colegiado, ao atendimento de todas as indicações e correções solicitadas pela banca e ao pleno atendimento das demandas regimentais do Programa de Pós-Graduação.

CURITIBA, 18 de Junho de 2021.

Assinatura Eletrônica

18/06/2021 14:54:44.0

CLARA MARIA ROMAN BORGES

Presidente da Banca Examinadora (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ)

Assinatura Eletrônica

18/06/2021 14:53:17.0

ANDRE RIBEIRO GIAMBERARDINO

Avaliador Interno (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ)

Assinatura Eletrônica

18/06/2021 15:04:38.0

FLÁVIO BORTOLOZZI JUNIOR

Avaliador Externo (UNIVERSIDADE POSITIVO)

## RESUMO

---

Na presente pesquisa, investigam-se os impactos da utilização dos bancos de perfis genéticos para o controle do crime no Brasil. O objetivo da pesquisa é compreender de que modo os bancos de perfis genéticos podem contribuir para reforçar o controle penal de grupos marginalizados pelo sistema de justiça criminal brasileiro. Para esse fim, inicialmente, examinam-se as propriedades da identificação pelo perfil genético e suas implicações no contexto criminal. Em seguida, são abordados os propósitos, interesses envolvidos e a regulamentação dos bancos de perfis genéticos no País. A seguir, é realizada uma análise de 24 estudos empíricos sobre a contribuição dessa tecnologia para as investigações criminais em termos de eficácia. Na sequência, apresentam-se as três formas alternativas de investigação, que visam a potencializar a utilidade dessa ferramenta. A partir do que foi investigado, discutem-se os impactos desse policiamento genético, em termos quantitativos (composição) e qualitativos (formas de investigação), sobre as minorias sobrerrepresentadas no sistema de justiça criminal brasileiro para, enfim, discutir o projeto de seletividade que os bancos de perfis genéticos tendem a reproduzir na construção de suspeitos racializados nesse sistema. A pesquisa é de natureza exploratória. Os métodos empregados foram pesquisa bibliográfica e documental. As técnicas de pesquisa utilizadas decorreram de documentação direta e indireta, cujos dados foram analisados qualitativamente, mediante análise teórico-narrativa. Ao final, os resultados indicaram que os bancos de perfis genéticos reforçam o controle penal de jovens, negros e pobres ao (re)estigmatizá-los e mantê-los como alvos principais do sistema de justiça criminal. Esse reforço é iniciado pela composição dos bancos de perfis genéticos, que, inevitavelmente, refletem as disparidades da criminalização secundária e são acentuadas nas diferentes estratégias de investigação e policiamento genético de suspeitos, não-aleatoriamente selecionados, sem que benefícios sistemáticos tenham sido extraídos até o momento com o uso dessa tecnologia. Posto isto, argumenta-se que os debates atinentes à política de coleta de DNA para fins de identificação criminal e armazenamento em bancos de perfis genéticos devem incluir o impacto desproporcional em minorias racialmente criminalizadas, cujo tema tem sido negligenciado no Brasil, até o momento.

**Palavras-chaves:** Bancos de Perfis Genéticos; Investigação Criminal; Controle Penal; Minorias.

## ABSTRACT

---

In the present research, the impacts of the use of DNA database for crime control in Brazil are investigated. The goal of the research is to understand how DNA database can contribute to reinforce the criminal control of marginalized groups by the Brazilian criminal justice system. To this end, we first examine the properties of identification through genetic profiling and its implications in the criminal context. Next, the purposes, interests involved and regulation DNA database in the country are discussed. Next, an analysis is made of 24 empirical studies on the contribution of this technology to criminal investigations in terms of effectiveness. Next, three alternative forms of investigation are presented, which aim to enhance the usefulness of this tool. Based on what has been investigated, the impacts of this genetic policing, in quantitative (composition) and qualitative (forms of investigation) terms, on minorities over-represented in the Brazilian criminal justice system are discussed, to finally discuss the project of selectivity that the DNA database tend to reproduce in the construction of racialized suspects in this system. The research methodology is exploratory in nature. The methods employed were bibliographic and documental research. The research techniques used were direct and indirect documentation, whose data were analyzed qualitatively through narrative-theoretical analysis. In the end, the conclusions indicated that DNA database reinforce the social control of young, black and poor people by (re)stigmatizing them and keeping them as the main targets of the criminal justice system. This reinforcement is initiated by the composition of DNA database, which inevitably reflect the disparities of secondary criminalization and are accentuated in the different strategies of genetic investigation and policing of suspects, non-randomly selected, with no systematic benefits having been extracted to date from the use of this technology. That said, it is argued that the debates concerning the policy of DNA collection for criminal identification purposes and storage in DNA database should include the disproportionate impact on racially criminalized minorities, which has been neglected in Brazil so far.

**Key words:** DNA Databases; Criminal Investigation; Criminal Control; Minorities.

## RIASSUNTO

---

La presente ricerca indaga gli impatti dell'utilizzo delle banche dati del DNA per controllare la criminalità in Brasile. L'obiettivo della ricerca è comprendere in che modo le banche dati del DNA possono contribuire a rafforzare il controllo penale dei gruppi marginalizzati dal sistema di giustizia penale brasiliano. A tal fine, inizialmente, si analizzano le modalità di identificazione del campione biologico e le loro implicazioni nel contesto penale. Dopo aver discusso le finalità, gli interessi coinvolti e la regolamentazione delle banche dati del DNA in Brasile, si prendono in esame 24 studi empirici sul contributo, in termini di efficacia, di tale tecnologia nelle indagini penali. In seguito, vengono presentate tre forme alternative di indagine, che mirano a valorizzare l'utilità di tale strumento. Sulla base di ciò, vengono discussi gli impatti di questo monitoraggio genetico, in termini quantitativi (composizione) e qualitativi (forme di indagine) sulle minoranze sovrarappresentate nel sistema di giustizia penale brasiliano, al fine di analizzare la selettività che le banche dati del DNA tendono a riprodurre nella costruzione di sospetti discriminati in base alla razza. La metodologia della ricerca è di natura esplorativa, basandosi su dati bibliografici e documentari. Le tecniche di ricerca utilizzate sono state incentrate sulla documentazione diretta ed indiretta, i cui dati sono stati esaminati qualitativamente, attraverso una trattazione teorico-narrativa. Infine, nelle conclusioni, si specifica che le banche dati del DNA rafforzano il controllo sociale sui giovani, sulle persone di colore e sui poveri, (ri)stigmatizzandoli e considerandoli come bersagli principali del sistema di giustizia penale. Tale rafforzamento, parte dalla composizione delle banche dati del DNA, che inevitabilmente riflettono le modalità discriminanti del sistema inquirente brasiliano, accentuandosi nelle diverse strategie di indagine e di controllo genetico dei sospetti, non selezionati casualmente, e senza che, l'uso di questa tecnologia, abbia fatto scaturire finora benefici sistematici. Posto ciò, si sostiene che i dibattiti riguardanti la politica di raccolta del DNA ai fini dell'identificazione penale e della conservazione in banche dati devono includere l'impatto sproporzionato sulle minoranze che risultano essere criminalizzate in base alla razza, tematica questa finora trascurata in Brasile.

**Parole chiave:** Banche date del DNA; Indagine penale; Controllo penale; Minoranze.



## LISTA DE FIGURAS

---

<b>Figura 1</b> – DNA e suas unidades fundamentais.....	23
<b>Figura 2</b> – Polimorfismos de Inserção e Deleção .....	26
<b>Figura 3</b> - Esquema de marcadores de DNA minissatélite e microsatélite (STR).....	27
<b>Figura 4</b> - Polimorfismo de nucleotídeo único. Sequências de nucleotídeos diferem entre pessoas aproximadamente 1 em 1.000.....	27
<b>Figura 5</b> - PCR: No primeiro ciclo, um par de iniciadores promove a síntese de um segmento de DNA de interesse em um tubo de ensaio e então utiliza repetidos ciclos de separação das fitas, hibridização e síntese para amplificar o DNA .....	33
<b>Figura 6</b> - Ilustração dos padrões de herança da recombinação de marcadores genéticos autossômicos e os marcadores de linhagem do cromossomo Y e do DNA mitocondrial. ....	36
<b>Figura 7</b> - Exame Comparativo .....	41
<b>Figura 8</b> - Oportunidades ao pesquisar em um banco de dados de DNA. ....	51
<b>Figura 9</b> - “Representação do Banco Nacional, Bancos Estaduais, Banco Distrital e Banco Federal de Perfis Genéticos que integravam a RIBPG até março/2020.” AL e RO foram integrados no final de 2020 .....	67
<b>Figura 10</b> - Pesquisa Familiar.....	116

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

---

<b>A</b>	Adenina
<b>C</b>	Citosina
<b>G</b>	Guanina
<b>T</b>	Timina
<b>ACT</b>	Acordo de Cooperação Técnica
<b>AFIS</b>	<i>Automated Fingerprint Identification System</i>
<b>ASPI</b>	<i>Australian Strategic Policy Institute</i>
<b>ANP</b>	Academia Nacional de Polícia
<b>APCF</b>	Associação Nacional dos Peritos Criminais
<b>BNPG</b>	Banco Nacional de Perfis Genéticos
<b>CDH-UFPR</b>	Clínica de Direitos Humanos da Universidade Federal do Paraná
<b>CODIS</b>	<i>Combined DNA Index System</i>
<b>CADH</b>	Convenção Americana de Direitos Humanos
<b>CG-RIBPG</b>	Comitê Gestor da Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos
<b>ChrY</b>	Cromossomo Y
<b>CN</b>	Congresso Nacional
<b>CP</b>	Código Penal
<b>CPP</b>	Código de Processo Penal
<b>CQ</b>	Controle de qualidade
<b>DEPEN</b>	Departamento Penitenciário Nacional
<b>DNA</b>	Ácido desoxirribonucleico
<b>DPF</b>	Departamento da Polícia Federal
<b>DPD</b>	<i>National DNA Profile Databank</i>
<b>ENFSI</b>	<i>European Network of Forensic Science Institutes</i>
<b>EUA</b>	Estados Unidos da América
<b>FBI</b>	<i>Federal Bureau of Investigation</i>
<b>FBSP</b>	Fórum Brasileiro de Segurança Pública
<b>FDOP</b>	Departamento de Correções da Flórida
<b>FDP</b>	<i>Forensic DNA Phenotyping</i>
<b>FGPI</b>	<i>The Forensic Genetics Policy Initiative</i>
<b>FSS</b>	<i>Forensic Science Service</i>
<b>GC</b>	Garantia de qualidade

<b>GTH</b>	<i>Gordon Thomas Honeywell Governmental Affairs</i>
<b>HPD</b>	<i>Houston Police Department</i>
<b>HWE</b>	Hardy-Weinberg
<b>IBGE</b>	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
<b>InDel</b>	Inserção/Deleção
<b>ILJ</b>	<i>Institute for Law and Justice</i>
<b>INC</b>	Instituto Nacional de Criminalística
<b>INFOPEN</b>	Levantamento Nacional de Informações Penitenciárias
<b>INTERPOL</b>	<i>International Criminal Police Organization</i>
<b>LOH</b>	Perda de heterozigosidade
<b>LR</b>	Razão de Verossimilhança
<b>MEG</b>	<i>Monitoring Expert Group</i>
<b>MJSP</b>	Ministério da Justiça e Segurança Pública
<b>mtDNA</b>	DNA mitocondrial
<b>NCB</b>	<i>National Central Bureau</i>
<b>NDDB</b>	<i>National DNA Data Bank (Canadá)</i>
<b>NDIS</b>	<i>National DNA Index System (EUA)</i>
<b>NDNAD</b>	<i>National DNA Database – (UK)</i>
<b>NRE</b>	<i>The National Registry of Exonerations</i>
<b>NRV</b>	Região não recombinante do cromossomo Y
<b>OCME</b>	<i>Office of Chief Medical Examiner</i>
<b>pb</b>	Par de base
<b>pg</b>	Picogramas
<b>PCR</b>	Reação em cadeia da polimerase ( <i>polymerase chain reaction</i> )
<b>PF</b>	Polícia Federal
<b>PGH</b>	Projeto Genoma Humano
<b>PL</b>	Projeto de Lei
<b>PNAD</b>	Pesquisa Nacional por Amostras de Domicílio
<b>POP</b>	Procedimento Operacional Padrão
<b>RIBPG</b>	Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos
<b>RFLP</b>	Polimorfismos do comprimento do fragmento de restrição ( <i>restriction fragment length polymorphism</i> )
<b>RMI</b>	Restos mortais identificados
<b>RNA</b>	Ácido ribonucleico

<b>SAKs</b>	Kits de agressão sexual ( <i>sexual assault kits</i> )
<b>SDIS</b>	<i>State DNA Index Systems (EUA)</i>
<b>SENASP</b>	Secretaria Nacional de Segurança Pública
<b>SinDNA</b>	<i>Integrated DNA System</i>
<b>SNPs</b>	Polimorfismo de nucleotídeo único ( <i>single nucleotid polymorphism</i> )
<b>STF</b>	Supremo Tribunal Federal
<b>SOCOs</b>	<i>Scenes of Crime Officers</i>
<b>SWGDM</b>	<i>Scientific Working Group on DNA Analysis Methods</i>
<b>TEDH</b>	Tribunal Europeu de Direitos Humanos
<b>UE</b>	União Europeia
<b>UCR</b>	<i>Uniform Crime Report</i>
<b>UFSCar</b>	Universidade Federal de São Carlos
<b>VNTRs</b>	Número variável de repetições em sequência ( <i>variable number of tandem repeats</i> )
<b>Y-STR</b>	Repetição curta em tandem no cromossomo Y

## SUMÁRIO

---

<b>INTRODUÇÃO.....</b>	<b>13</b>
<b>1. GENÉTICA E INVESTIGAÇÃO CRIMINAL .....</b>	<b>21</b>
1.1 A BASE GENÉTICA DA IDENTIFICAÇÃO CRIMINAL.....	23
1.2 A TECNOLOGIA DA TIPAGEM DE DNA.....	31
1.3 PERFIL GENÉTICO: VANTAGENS, LIMITAÇÕES E DESAFIOS NO CONTEXTO CRIMINAL.....	39
<b>2. BANCO DE PERFIS GENÉTICOS PARA FINS CRIMINAIS .....</b>	<b>48</b>
2.1 AS PROMESSAS DE UMA TECNOLOGIA EM ASCENSÃO .....	48
2.2 NOS BASTIDORES, AS PROMOÇÕES E AS PRÁTICAS DE LOBBY .....	54
2.3 A LEI 12.654/2012, O BNPG E A SELETIVIDADE PENAL .....	61
<b>3. A EFICÁCIA DOS BANCOS DE PERFIS GENÉTICOS .....</b>	<b>72</b>
3.1 DUAS PREMISSAS SOBRE MÉTRICAS DE SUCESSO .....	72
3.2 ESTUDOS SOBRE EFICÁCIA DOS BANCOS DE PERFIS GENÉTICOS .....	79
3.3 DISCUSSÃO: IMPACTOS DESCONHECIDOS.....	100
<b>4. FORMAS ALTERNATIVAS DE CONTRIBUIÇÃO .....</b>	<b>113</b>
4.1 A PESQUISA FAMILIAR (FAMILIAL SEARCHING).....	113
4.2 REDE DE ARRASTOS DE DNA (DNA DRAGNET OU DNA SWEEP).....	122
4.3 ENTRE CIÊNCIA E INTELIGÊNCIA FORENSE .....	126
<b>5. IMPACTOS DO POLICIAMENTO GENÉTICO .....</b>	<b>131</b>
5.1 A CRIAÇÃO SELETIVA DE SUSPEITOS.....	131
5.2 A SOBRRERREPRESENTAÇÃO DE GRUPOS MINORITÁRIOS .....	137
5.3 É POSSÍVEL UM BANCO GENÉTICO MAIS INCLUSIVO? .....	148
5.4 O REFORÇO DA MARGINALIZAÇÃO DA CRIMINALIDADE.....	153
<b>CONSIDERAÇÕES FINAIS.....</b>	<b>166</b>
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>170</b>
<b>APÊNDICE A .....</b>	<b>198</b>
<b>APÊNDICE B.....</b>	<b>199</b>
<b>ANEXOS .....</b>	<b>206</b>

## INTRODUÇÃO

---

Os bancos de perfis genéticos para fins criminais estão sendo amplamente utilizados em vários países do mundo para auxiliar as investigações criminais desde o final da década de 1980, mas mais precisamente a partir da década de 1990. E com o intuito de acompanhar esse desenvolvimento tecnológico em particular, o Brasil seguiu o exemplo de países, como Reino Unido, Estados Unidos (EUA), Canadá, Nova Zelândia e muitos outros, sob a justificativa da necessidade de se adotarem instrumentos modernos capazes de auxiliar as resoluções de crimes e prevenir futuros crimes mediante a identificação, incapacitação e dissuasão de seus autores, por meio dessa tecnologia.

A iniciativa dos bancos de perfis genéticos no Brasil foi desencadeada quase exclusivamente por peritos criminais, em especial por peritos da polícia federal, desde a criação de laboratórios de genética forense até a provocação de uma norma legal que instituísse e regulamentasse essa tecnologia no país. Poucos juristas participaram desse processo e não houve uma ampla discussão com a sociedade sobre a existência de um Projeto de Lei (PL) que abordasse o tema. Portanto, a discussão sobre a necessidade e regulamentação de bancos de perfis genéticos no Brasil ficou circunscrita a especialistas que já possuíam algum convívio com a identificação genética.<sup>1</sup>

Nesse contexto é que foi promulgada a Lei 12.654/12, a fim de criar o Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG), destinado a fortalecer os aparatos estatais policiais, para “combater a violência”, “combater o crime”, “lutar contra o crime”, e, não menos importante, “reduzir a criminalidade, “atacando a impunidade”.<sup>2</sup> Tais políticas de segurança são enunciadas nos meios de comunicação sem reconhecer as distinções de cada uma dessas políticas e sem demonstrar de que modo os bancos de perfis genéticos contribuem para atingir todas essas finalidades.

A grande campanha publicitária com os adventos desses bancos de perfis genéticos gira em torno de um possível maior controle dos crimes violentos, principalmente os homicídios e

---

<sup>1</sup> RICHTER, Vitor Simonis. **Identificação Genética e Crime: a introdução dos bancos de DNA no Brasil**. 2016. Tese (Doutorado em Antropologia Social) - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, RS. Disponível em: <<http://hdl.handle.net/10183/178189>>. Acesso em: 8 dez. 2020. p. 132-133.

<sup>2</sup> DA SILVA, Adriane de Lourdes da et al. (2020). Criminal Genetic Profile Database in Brazil: History and Evolution. **Brazilian Journal of Forensic Sciences, Medical Law and Bioethics**. v. p. 499-520. Disponível em: <[https://doi.org/10.17063/bjfs9\(4\)y2020499-520](https://doi.org/10.17063/bjfs9(4)y2020499-520)>. Acesso em: 7 nov. 2020. p. 501-501.; MENEZES, Meiga; KOSHIKENE, Daniela; BITTENCOURT, Eloísa A. Aspectos periciais no combate aos crimes sexuais. **Perícia Federal. Brasília**, ano XV, n. 43. p. 10-17. jun/2019.; Bancos de perfis genéticos ajudam no combate ao crime. Disponível em: TV Senado, <[https://www.youtube.com/watch?v=VEi5pu\\_Bk\\_Q](https://www.youtube.com/watch?v=VEi5pu_Bk_Q)>.

os sexuais, com baixa resolução no país.<sup>3</sup> Segundo estatísticas enunciadas, essa taxa não passaria de 10%, apesar da ausência de estatísticas oficiais no âmbito nacional sobre o tema. Mesmo assim, comparações com supostos altos índices de resolução de crimes de homicídio, por exemplo, em países que há mais de duas décadas utilizam os bancos de perfis genéticos, como EUA (65%), Reino Unido (90%), França (80%) e Nova Zelândia (90%) são utilizadas como justificativa para a legitimação dessa tecnologia.<sup>4</sup> Entretanto, não se apresenta o papel que os bancos de perfis genéticos desempenharam na elucidação de crimes nesses países.

Todavia, não é raro, no Brasil, surgirem propostas de repressão e prevenção da criminalidade ou de medidas de curto prazo por parte do poder público, despidas de qualquer eficácia real, a exemplo do endurecimento da criminalidade primária, aumento de penas, dar ao tipo penal a natureza de crime hediondo etc., cujas políticas acabam refletindo em um público-alvo específico na criminalização secundária.<sup>5</sup> Semelhante a essas propostas, os bancos de perfis genéticos estão inseridos em uma gama de ampliação de poderes investigatórios, fomentando a ideia de que uma parte dos problemas da criminalidade e da violência vão se resolver com essa tecnologia, sem uma análise efetiva de sua eficácia e de seus impactos, principalmente jurídicos e sociais.

Mas essa tecnologia também vem com a promessa de reduzir erros em acusações e condenações, muitas vezes oriundas de preconceitos, principalmente étnico/raciais, ao introduzir uma tecnologia capaz de exonerar inocentes e identificar, de forma mais objetiva, autores de crimes. E mais, teoricamente, a neutralidade da tecnologia de DNA poderia lançar uma luz sobre as disparidades existentes no sistema de justiça criminal brasileiro,<sup>6</sup> em que cada vez mais pessoas jovens, negras e pobres têm sido alvo constante da criminalização secundária no Brasil, conforme estatísticas oficiais trabalhadas ao longo da pesquisa, o que prepararia um caminho para um sistema mais justo e equitativo.

Por outro lado, essas desigualdades na criminalização secundária podem ser intensificadas, na medida em que os bancos de perfis genéticos vão operar dentro de um sistema

<sup>3</sup> MICHELIN, Kátia et al. Bancos de Dados de Perfis Genéticos no combate aos crimes sexuais. **Revista Perícia Federal: Local de Crime**. Brasília, ano IX, n. 26. p. 13-16. junho/2007 a março 2008.

<sup>4</sup> PEDUZZI, Pedro. Rede Nacional de Genético Forense. **Revista Perícia Federal: Local de Crime**. Brasília, ano IX, n. 26. p. 6. jun./2007 a mar.2008. p. 6.; LACERDA, Pedro. Doação de DNA por criminosos pode ser lei. **Revista Perícia Federal: Local de Crime**. Brasília, ano XIII, n. 29. p. 32-35. mar/2012. p. 35.; LIMA, Hélio Buchmuller. DNA x Criminalidade. **Revista Perícia Federal: banco de dados de perfis genéticos – o DNA a serviço da justiça**. Brasília, ano IX, n. 26. p. 8-11. jun/2007 a mar/2008. p. 8.

<sup>5</sup> Criminalização primária deve ser entendida como o ato de criar uma lei penal que permite punir determinadas condutas. A criminalização secundária, por sua vez, deve ser entendida como o ato de punir condutas, pelo exercício do poder estatal, previstas como tipos penais pela criminalização primária.

<sup>6</sup> Sistema de Justiça Criminal se refere, neste trabalho, às instituições de controle social formal, constituído pelas atividades da polícia, a justiça criminal e a execução penal.

que, do ponto de vista da criminologia crítica, é estruturalmente seletivo. Portanto, conforme implantamos novas tecnologias no espaço da justiça criminal, é importante considerar se uma ferramenta específica é apropriada em um determinado contexto e considerar os impactos sobre o crime e o público-alvo. É sobre esses impactos que a presente pesquisa se ocupa.

Dado esse cenário de desigualdades e promessas de revolução das investigações criminais, resta saber se essa tecnologia não é só mais uma forma de fortalecer o controle penal de grupos já marginalizados pelo sistema de justiça criminal brasileiro. A partir dessa perspectiva, propõe-se o seguinte problema de pesquisa: De que modo os bancos de perfis genéticos forenses contribuem para reforçar o controle penal<sup>7</sup> de grupos marginalizados pelo sistema de justiça criminal brasileiro? Grupos marginalizados são aqui entendidos os jovens, negros e oriundos das camadas socioeconomicamente mais vulneráveis da sociedade que estão sobrerrepresentados nesse sistema.<sup>8</sup>

A hipótese central dessa pesquisa é a de que a tecnologia dos bancos de perfis genéticos, ao ampliar poderes investigatórios visando a atribuir maior controle do crime, também acaba contribuindo significativamente como mais uma forma de controle penal de grupos marginalizados pelo sistema de justiça criminal brasileiro, principalmente em razão da seletividade da criminalização secundária. Essa hipótese será testada levando sempre em consideração a eficácia dessa tecnologia frente aos seus propósitos e as formas de alcançá-las. Essa forma de investigação foi necessária considerando que a regulamentação jurídica dos bancos de perfis genéticos, na falta de um banco universal, sempre vai buscar atingir um público-alvo que favoreça a sua eficácia, em sua finalidade,<sup>9</sup> isto é, as pessoas criminalizadas.

Para responder o problema proposto a pesquisa foi construída a partir de uma perspectiva interdisciplinar entre genética forense, direito, sociologia e criminologia. A interdisciplinaridade foi necessária, pois não seria possível discutir os impactos da utilização dessa tecnologia sem saber exatamente que impactos são esses, os quais envolvem diferentes áreas do conhecimento. Em relação à estrutura metodológica, foram utilizadas a pesquisa bibliográfica e a documental. As técnicas de pesquisa utilizadas decorreram de documentação direta e indireta, cujos dados foram analisados qualitativamente, mediante análise teórico-narrativa. Para tanto, a pesquisa foi estruturada em cinco capítulos.

---

<sup>7</sup> Controle penal deve ser aqui entendido como parte integrante do controle social formal do Estado, por meio do sistema penal, que, por sua vez, consiste na atividade do legislador, da polícia, da justiça criminal e da execução penal.

<sup>8</sup> Fonte: Infopen, 2019.

<sup>9</sup> JACQUES, Guilherme Silveira; MINERVINO, Aline. Aspectos éticos e legais dos bancos de dados de perfis genéticos. **Revista Perícia Federal**: Local de Crime. Brasília, ano IX, n. 26. p. 17-20. junho/2007 a março 2008. p. 19.



No primeiro capítulo, buscou-se examinar as propriedades da identificação pelo perfil genético, os métodos empregados para sua obtenção, e as implicações de sua utilização em exames de DNA como elemento de prova em contextos forenses criminais. Essa primeira análise se fez necessária diante da necessidade de se compreender qual a particularidade do perfil genético em relação aos métodos tradicionais de identificação (impressão digital e a fotografia). A título ilustrativo, o capítulo inicia contando brevemente o primeiro caso de utilização do exame de DNA em um caso criminal. Nesse momento, o material utilizado valeu-se, essencialmente, de periódicos e obras publicadas, nacionais e internacionalmente, relacionados à genética forense.

No segundo capítulo, foi estudada a necessidade da criação de bancos de perfis genéticos para fins criminais de um modo geral e a convergência entre diferentes interesses nos processos de legitimação e implementação dessa tecnologia no Brasil. Além disso, foram analisadas as controvérsias existentes no atual panorama jurídico da nossa legislação sobre o tema, em especial no que tange à eficácia e seletividade dos critérios de coleta de DNA para fins de identificação criminal pelo perfil genético. Nesse momento, o objetivo será compreender quais são os propósitos e os resultados que se espera com a utilização dessa tecnologia, quais são os discursos por trás da necessidade de sua implantação, bem como a problemática existente na relação entre a seletividade da legislação e as demandas pelo aumento da eficácia dos bancos de perfis genéticos.

Nesse segundo capítulo, foi necessária a utilização de obras e publicações relacionadas aos bancos de perfis genéticos, essencialmente no âmbito nacional, incluindo revisão bibliográfica da doutrina nacional, que discutem aspectos atuais da Lei nº 12.654/12, nas áreas de processo e execução penal. Foram também utilizados documentos relativos a registros sobre conferências/seminários realizados antes de que essa tecnologia fosse implementada no Brasil, a legislação pertinente e os relatórios oficiais do BNPG.

O terceiro capítulo teve por objetivo compreender de que modo essa tecnologia está contribuindo ou pode contribuir para o sistema de justiça criminal, a fim de tornar mais claro quais são os critérios, sejam eles racionais ou arbitrários, que justificam a seletividade dos crimes que se qualificam como cobrança para a coleta de DNA, os quais devem considerar os propósitos dos bancos de perfis genéticos. Dito de outro modo, de uma perspectiva pragmática, é preciso antes saber qual a contribuição líquida (isolada) dos bancos de perfis genéticos para as investigações criminais, qual o seu modo de funcionamento e o que se pode esperar dessa tecnologia em termos de resultados, considerando seus objetivos. Para tanto, análise de estudos empíricos foi necessária.

Nesse terceiro capítulo, optou-se por uma revisão sistemática e narrativa<sup>10</sup> de literatura de estudos empíricos que tiveram por objetivo analisar a eficácia dos bancos de perfis genéticos frente aos possíveis propósitos, independentemente do tipo de crime examinado: detectar crimes, dissuadir indivíduos, incapacitar indivíduos e exonerar inocentes.<sup>11</sup> Essa discussão é feita, essencialmente, a partir da experiência estrangeira, em virtude dos bancos de perfis genéticos no Brasil serem ainda incipientes, havendo poucas pesquisas empíricas sobre o tema. Portanto, foi realizada uma busca pela literatura em âmbito internacional, sem restrições geográficas. Devido às limitações na proficiência de idioma, apenas artigos em inglês e português foram elegíveis para inclusão, mas observou-se que os estudos realizados no Brasil também foram publicados em língua inglesa.

Os trabalhos científicos foram pesquisados na base de dados do Google Acadêmico, no período entre 1995, ano em que foi implantado o primeiro banco de dados em âmbito nacional, a 2020, ano em que a pesquisa foi encerrada. A seleção dos artigos iniciou com uma busca avançada, usando as seguintes palavras chaves e critérios em qualquer lugar do texto: (i) artigos que contenham todas as palavras: *dna; profile\*; crime; database; forensic; criminal; evidence; analysis; case; investigat\*; result\*; collect\*; test\*; technology; scene; potential; rate justice;* (ii) com no mínimo uma das palavras: *Effectiveness; contribution; Effect; impact; efficiency; valuation;* e (iii) sem as palavras: *“chemistry”; “energy”; “animal”*.<sup>12</sup> A busca resultou em 3.030 artigos, mas que incluíram várias versões do mesmo artigo publicado em diferentes locais. O procedimento de seleção contou com duas etapas. Na primeira, foram selecionados artigos com base no título e no resumo para análise mais detalhada, o que resultou em 70 artigos. Em seguida, foi realizada a leitura integral dos artigos, resultando em 23 estudos que atenderam aos critérios de elegibilidade.<sup>13</sup>

<sup>10</sup> A escolha da análise narrativa se dá em razão de que os estudos utilizaram diferentes medidas de avaliação, com diferentes tamanhos de fontes das amostras, o que impede uma meta-análise quantitativa dos resultados das pesquisas.

<sup>11</sup> Portanto, não foram considerados estudos que buscaram analisar os efeitos do teste de DNA em si no contexto criminal forense, mas apenas aqueles que envolviam o uso de bancos de perfis genéticos.

<sup>12</sup> Com base nos resultados preliminares, termos adicionais foram sendo incluídos a fim de reduzir a quantidade de resultados e viabilizar a busca. Os termos foram selecionados à medida que novos artigos relevantes foram sendo encontrados e se os termos estivessem em todos os estudos.

<sup>13</sup> Critérios cumulativos de inclusão:

- a) A pesquisa tem como escopo avaliar a contribuição/eficácia dos bancos de perfis genéticos?
- b) A pesquisa é empírica e baseada em estudos exploratórios, experimentais, observacionais ou quantitativos?
- c) A pesquisa teve como público-alvo pessoas presas, detidas ou condenadas que tiveram seus perfis genéticos coletados e armazenados em um banco de dados ou coletados para fins criminal?
- d) O estudo explorou algum dos propósitos dos bancos de perfis genéticos (auxílio às investigações, efeito incapacitante, efeito dissuasor ou efeito exclusão/exoneração)?

Entretanto, como os estudos selecionados não forneceram informações suficientes sobre o papel de exclusão ou exoneração de inocentes que os bancos de perfis genéticos também proporcionariam, optou-se por analisar todos os casos de sucesso do *Innocence Project* (EUA) que tiveram o uso do DNA. Considerando que esse projeto é um exemplo para essa finalidade,<sup>14</sup> os quais utilizam como prova principal o DNA para revisões criminais, situado em um país que foi um dos primeiros a utilizar essa tecnologia, pareceu ser uma fonte útil para analisar o papel exercido pelos bancos de perfis genéticos para exonerar inocentes. Para a análise dos casos, foram utilizadas as transcrições individuais de 192 casos no próprio site da instituição.<sup>15</sup>

O quarto capítulo, ainda visando a compreender o funcionamento dessa tecnologia e seu potencial, foram discutidas as formas alternativas de investigações que são utilizadas *por meio* de ou *com* a ajuda dos bancos de perfis genéticos, objetivando potencializar a sua utilidade para além da sua abordagem tradicional. Algumas são práticas emergentes, como a pesquisa familiar e a inteligência forense, e a outra, como as redes de arrastos, são práticas mais antigas, que coincidem, inclusive, com o primeiro uso de exames de DNA em contextos criminais. Essas formas alternativas de contribuição, que geralmente são utilizadas quando inexistentes quaisquer outras pistas de investigação, também impactam nos seus resultados e na forma de alcançar os propósitos dessa tecnologia.

Nesse quarto capítulo, como essas estratégias alternativas de investigação são dilemas novos, muito enfrentados em outros países que utilizam essa tecnologia há mais tempo, mas ainda não enfrentados no Brasil, utilizam-se, essencialmente, bibliografias internacionais sobre a temática, visando a compreender o que são e como funcionam. Além disso, faz-se um paralelo sobre o que diz a nossa legislação atual sobre esses temas.

Só então, no quinto capítulo, após investigados os propósitos dos bancos de perfis genéticos, a sua eficácia em atingir esses propósitos e as maneiras pelas quais esses propósitos podem ser atingidos é que foram discutidos os possíveis impactos da utilização dessa tecnologia em grupos marginalmente criminalizados pelo sistema criminal de justiça no Brasil. Nesse momento, foram refletidos quais são os critérios utilizados para a escolha dos crimes que se qualificam como cobrança para a coleta de DNA em termos quantitativos (composição dos sujeitos submetidos a essa forma de identificação criminal) e qualitativos (as diferentes estratégias de investigação). O objetivo é trabalhar esses impactos na seletividade da

---

<sup>14</sup> LIMA, *op. cit.*, p. 8.

<sup>15</sup> INNOCENCE PROJECT. **All Cases**. Disponível em: < <https://innocenceproject.org/all-cases/> >. Acesso em: 13 nov. 2020

criminalização secundária e na construção de suspeitos por meio dessa tecnologia visando a uma maior eficácia, e em como essa construção pode ser racializada.

Nesse último capítulo, foram apresentadas revisões bibliográficas que discutem critérios de políticas de coleta de DNA e a consequente composição dos bancos de perfis genéticos. Além disso, foram necessárias a utilização de fontes oficiais sobre estatísticas do perfil socioeconômico das pessoas encarceradas para compará-las com o censo demográfico da população brasileira. Ao final, utiliza-se como referencial as problematizações sobre o encarceramento em massa de jovens negros e pobres no Brasil, abordadas por sociológicos, juristas e criminólogos brasileiros, a fim de discutir o reflexo dessa criminalização nas políticas de coletas de DNA. Portanto, nesse momento, foi necessário trabalhar com as categorias de raça e classe.<sup>16</sup>

Em razão das limitações das fontes de dados utilizadas, a pesquisa é de natureza exploratória, uma vez que informações mais completas precisariam ser conhecidas sobre: (a) o papel desempenhado nas investigações criminais pelos bancos de perfis genéticos no Brasil para determinar a sua causalidade; (b) a composição atual dos perfis de referência, incluindo informações sobre dados demográficos básicos por tipo de crime, com base na prisão/condenação; para então, de maneira mais completa e precisa, (c) inferir os impactos da utilização dessa tecnologia sobre a criminalização secundária (quantitativa e qualitativa).

Também é preciso enfatizar que a presente pesquisa se propõe a uma análise de problemas práticos. Portanto, não se propõe uma análise técnica ou aprofundada sobre a in(constitucionalidade) da Lei nº 12.654/12 e suas posteriores alterações ou adentrar em grandes teorias. Também não se pretende fazer uma análise em direito comparado. Sendo assim, partindo da regulamentação jurídica dos bancos de perfis genéticos no Brasil, preocupa-se, essencialmente, com a legitimidade dessa tecnologia frente aos impactos que podem recair sobre as pessoas que atualmente são criminalizadas no país, aproveitando-se de algumas experiências estrangeiras com a utilização dessa tecnologia.

Em suma, a pesquisa visa a trazer algumas contribuições ainda carentes de discussão na literatura brasileira. No âmbito acadêmico, pretende contribuir com os debates atinentes às dificuldades de se aferir, quantitativamente, os benefícios dos bancos de perfis genéticos em detrimento dos impactos jurídicos e sociais que suas diferentes formas de utilização podem

---

<sup>16</sup> Raça, enquanto fator político utilizado para naturalizar desigualdades e para legitimar a segregação e o genocídio de *grupo sociologicamente considerados minoritários*, que não deve ser tratado como dissolvida do elemento classe, mas sim como elementos socialmente sobredeterminados. Cf. CHAVES, Luís de Gonzaga Mendes. Minorias e seu estudo no Brasil. **Rev. C. Sociais**. v. II. 1971.; ALMEIDA, Silvio. **Racismo estrutural**. São Paulo: Jandaíra, 2020. p. 31; 185.

acarretar. No âmbito social, visa a ampliar as discussões sobre o impacto discriminatório do uso dessa ferramenta de investigação pelo sistema de justiça criminal brasileiro em minorias racializadas, por meio de um possível reforço do controle penal dessa específica parcela da população.

## 1. GENÉTICA E INVESTIGAÇÃO CRIMINAL

---

Em 21 de novembro de 1983, o corpo de Lynda Mann, 15 anos, foi encontrado na trilha Black Pad, localizada nos arredores do vilarejo de *Narborough*, em Leicestershire, Inglaterra. A polícia concluiu que ela havia sido estuprada antes de ser estrangulada com seu próprio lenço. Em 31 de julho de 1986, o corpo de Dawn Ashworth, 15 anos, foi encontrado na trilha Ten Pound Lane, perto de *Narborough*, em circunstâncias semelhantes ao crime anterior. Nesse mesmo ano, Richard Buckland, 17 anos, cujo tipo sanguíneo (único exame disponível à época) era compatível com o sangue encontrado nas duas cenas de crimes, confessou o crime contra Ashworth, mas negou envolvimento com o caso de Mann, sendo mantido sob custódia. Entretanto, considerando o *modus operandi*, os investigadores estavam convictos de que ambos os crimes foram cometidos pela mesma pessoa, mas, diante da parcial negativa, faltavam elementos de provas que o vinculasse a ambos os casos.<sup>17</sup>

Enquanto isso, na manhã de 10 de setembro de 1984, o professor britânico Alec Jeffreys e colaboradores do Departamento de Genética da Universidade de Leicester, acidentalmente detectou regiões específicas do DNA espalhados por todo o genoma que se repetiam continuamente uma ao lado da outra (minissatélites).<sup>18</sup> Essas regiões também se mostraram altamente polimórficas, isto é, o número de seções repetidas em cada região diferia de indivíduo para indivíduo (com exceção de gêmeos idênticos). E, ao desenvolver uma técnica para examinar a variação de comprimento dessas sequências repetidas de DNA, foi possível criar testes para identificação humana, criando uma espécie de “impressão digital do DNA humano” (“*DNA fingerprint*”) ou perfil genético (*DNA profiling*), como hoje é conhecido.<sup>19</sup>

A equipe de pesquisa do Professor, ao verificar a possibilidade de extração e análise adequada de amostras biológicas tipicamente encontradas em laboratórios forenses (geralmente amostras de sangue, sêmen e raiz de cabelo), identificou o potencial dessa técnica para identificação criminal e também para estabelecer laços familiares.<sup>20</sup> No âmbito civil, a primeira aplicação oficial ocorreu em 1985, para solucionar uma disputa de imigração decorrente da falta

---

<sup>17</sup> COBAIN, Ian Cobain. Killer breakthrough – the day DNA evidence first nailed a murderer. **The Guardian**. 07.06.2016. Disponível em: <<https://www.theguardian.com/uk-news/2016/jun/07/killer-dna-evidence-genetic-profiling-criminal-investigation#img-3>>. Acesso em: 05 set. 2020.

<sup>18</sup> UNIVERSITY OF LEICESTER. **The history of genetic fingerprinting**. Disponível em: <<https://www2.le.ac.uk/departments/genetics/jeffreys/history-gf>>. Acesso em 06 set. 2020.

<sup>19</sup> JEFFREYS, Alec. J.; WILSON, Victoria; THEIN, Swee Lay. Individual-specific ‘fingerprints’ of human DNA. **Nature**. v. 316. p. 76-79. 1985. Disponível em: <<https://www.nature.com/articles/316076a0>>. Acesso em: 06 set. 2020.

<sup>20</sup> GILL, Peter; JEFFREYS, Alec J.; WERRETT, David J. Forensic application of DNA ‘fingerprints’. **Nature**. v. 318. p. 577-579. 1985. Disponível em: <<https://www.nature.com/articles/318577a0>>. Acesso em: 06 set. 2020.

de provas do vínculo familiar, conforme resultado do exame apresentado no anexo 1.<sup>21</sup> O primeiro caso de paternidade veio logo em seguida e, então, – “as comportas se abriram”, foi quando Alec Jeffreys percebeu a dimensão política dessa técnica.<sup>22</sup>

Após esses primeiros casos de identificação genética, a polícia de Leicestershire decidiu consultar Alec Jeffreys para confirmar se o suspeito Richard Buckland era o responsável pela morte das duas adolescentes. Com base no teste de DNA realizado nos vestígios de sêmen coletados de seus corpos, foi confirmado que uma mesma pessoa estava envolvida na morte de ambas as vítimas. Contudo, o referido material biológico não pertencia a Richard Buckland, que estava há três meses sob custódia, tendo sido liberado após os resultados dos testes. A polícia, então, decidiu coletar amostras de DNA de todos os homens adultos de três aldeias locais, nascidos entre 1953 e 1970. Dois centros de testes foram estabelecidos na região.<sup>23</sup>

Oito meses depois, 5.511 homens haviam fornecido amostras de sangue, mas não houve nenhuma compatibilidade com os vestígios encontrados. Uma reviravolta ocorreu em agosto de 1987, quando a polícia local foi informada que um homem chamado Ian Kelly relatou aos amigos em um *pub* de Leicester que havia se passado por seu amigo, Colin Pitchfork, um padeiro de 27 anos, para fazer o exame de sangue em seu lugar, utilizando um documento falso. Tão logo, Colin Pitchfork estava sob custódia, confessou ambos os crimes, além de duas outras agressões sexuais. Submetido ao exame de DNA, houve correspondência para ambos os casos, se tornando a primeira pessoa presa com base na “impressão digital do DNA”. Colin Pitchfork foi condenado à prisão perpétua,<sup>24</sup> conforme noticiado no anexo 2.

Esse caso ilustra a primeira utilização do exame de DNA para fins forenses em casos criminais. Após os primeiros usos dessa técnica na Inglaterra, em 1985, e nos EUA, no final de 1986, o seu potencial investigativo foi rapidamente reconhecido e adotado pelas forças policiais em todo o mundo.<sup>25</sup> Diante da adoção cada vez mais ampla e mundial dessa técnica, para analisar as suas implicações na prova criminal e na construção de bancos de perfis genéticos, faz-se necessária uma análise das propriedades genéticas que envolvem a identificação e

<sup>21</sup> JEFFREYS, Alec. J.; BROOKFIELD, John. F.; SEMEONOFF Robert. Positive identification of an immigration test-case using human DNA fingerprints. *Nature*. v. 317. p. 818-819. 1985. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/317818a0>>. Acesso em 06 set. 2020.

<sup>22</sup> UNIVERSITY OF LEICESTER. **The history of genetic fingerprinting**. Disponível em: <<https://www2.le.ac.uk/departments/genetics/jeffreys/history-gf>>. Acesso em 06 set. 2020.

<sup>23</sup> Uma prática hoje conhecida como Arrastos de DNA (ou *DNA dragnets*), que será analisado no tópico 4.2.

<sup>24</sup> COBAIN, Ian Cobain. Killer breakthrough – the day DNA evidence first nailed a murderer. *The Guardian*. 07.06.2016. Disponível em: <<https://www.theguardian.com/uk-news/2016/jun/07/killer-dna-evidence-genetic-profiling-criminal-investigation#img-3>>. Acesso em: 05 set. 2020.

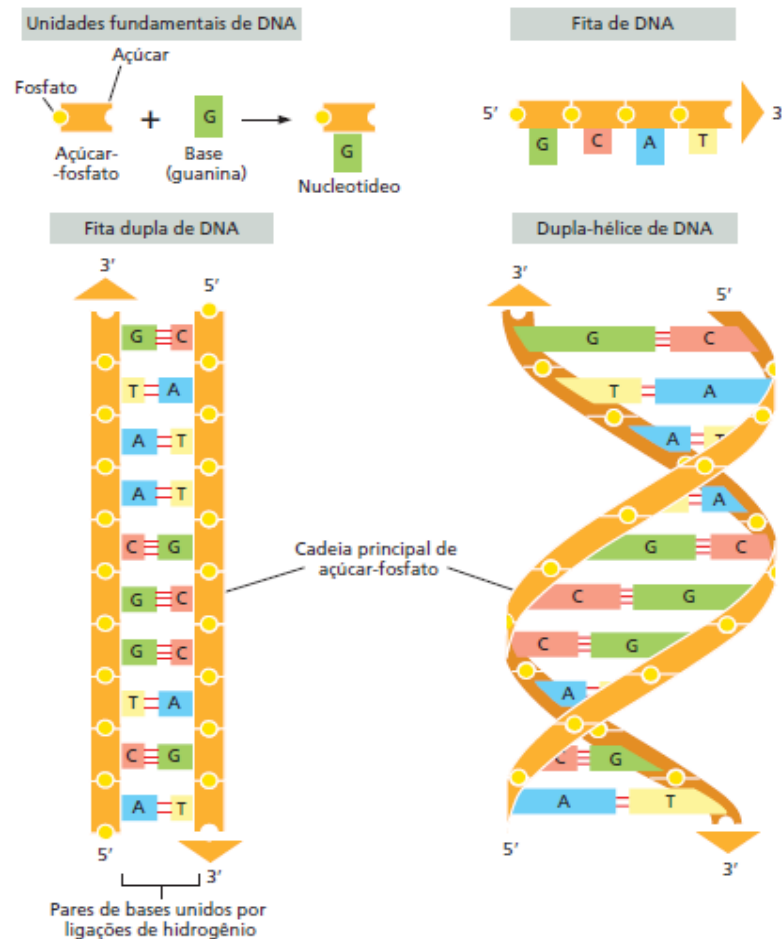
<sup>25</sup> CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA). **A Tecnologia do DNA na Ciência Forense**. Comitê sobre Tecnologia do DNA na Ciência Forense. (Tradução F.A. Moura Duarte et al.). Ribeirão Preto: Funpec-RP, 1999. p. 1.; JACQUES, G. S.; ARANHA, T. H. de C. Bancos de Perfis Genéticos. In: FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020. p. 259-260.



vínculos de parentesco, bem como dos diferentes métodos empregados, que será o foco deste capítulo.

### 1.1 A Base Genética da Identificação Criminal

O DNA - ácido desoxirribonucleico - é um tipo de ácido nucleico e consiste em duas fitas antiparalelas (apresenta um polo 5' e outro 3'), compostas de açúcar e fosfato. Essas fitas são entrelaçadas em forma de hélice, unidas por uma fileira de *bases* nitrogenadas chamadas *nucleotídeos*. Essas bases são representadas pelas letras A (adenina), T (timina), C (citosina) e G (guanina), as quais se alinham em pares (pb), sendo A em oposição a T e G oposição a C, e ligadas entre si por hidrogênio. O número total de nucleotídeos de todos os cromossomos é de cerca de 3 bilhões pb.<sup>26</sup> A figura a seguir ilustra os referidos conceitos:



**Figura 1 – DNA e suas unidades fundamentais.** Fonte: ALBERTS, Bruce. et al. *Biologia Molecular da Célula*. 6ª ed. Porto Alegre: Artmed, 2017. p 176.

<sup>26</sup> WATSON, James D. **DNA: o segredo da vida**. (Tradução Carlos Afonso Malferrari). São Paulo: Companhia de Letras, 2005. p. 47-74; CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA). **A avaliação do DNA como prova forense**. Comitê sobre Tecnologia do DNA na Ciência Forense. (Tradução F.A. Moura Duarte et al.). Ribeirão Preto: Funpec-RP, 2001. p. 11.



Um *gene*, a unidade básica da hereditariedade, é formado por uma sequência específica de nucleotídeos. A função de um gene é determinada pela ordem das quatro bases nitrogenadas. Uma sequência de bases específica de um gene carrega as instruções necessárias para a síntese (ou expressão) de proteínas. As *proteínas* são compostas de 20 *aminoácidos*, com funções estruturais e funcionais no organismo. Logo, um gene controla determinadas características físicas, comportamentais e outros atributos que o organismo apresentará. Essa é a diferença entre *genótipo*, a carga genética do nosso organismo, e *fenótipo*, o conjunto de caracteres que disso resulta em interação com o ambiente.<sup>27</sup>

De forma muito sucinta, para formar as proteínas, o DNA é transcrito em RNA (ácido ribonucleico – outro tipo de ácido nucleico) mensageiro (RNAm), que, por sua vez, será traduzido em proteínas. Esse fluxo (DNA > RNAm > Proteína) constituiu o ‘dogma central’ da genética. Portanto, o nosso *código genético* é formado a partir de uma sequência de nucleotídeos (códon) e seu aminoácido correspondente. Uma *mutação* (alteração) no gene pode comprometer a sua função, como é o exemplo da fibrose cística.<sup>28</sup>

O DNA pode ser encontrado nas mitocôndrias (DNA mitocondrial ou mtDNA) ou no núcleo das células eucariontes (DNA nuclear). O DNA mitocondrial (mtDNA) foi identificado pela primeira vez em 1963 e sequenciado em 1981 pelo laboratório de Frederick Sanger em Cambridge, Inglaterra.<sup>29</sup> É uma organela circular e contém seu próprio genoma com cerca de apenas 16.569pb. Cerca de 1.000 mitocôndrias, cada uma contendo de 2 a 10 cópias de mtDNA, estão localizadas no citoplasma de cada célula eucarionte.<sup>30</sup>

Mas a maior parte do nosso material genético está contido no DNA nuclear, na forma de 23 pares de *cromossomos* microscópicos, cada par proveniente da mãe e do pai (estado diploide). São 22 pares autossômicos, que determinam as características em geral do ser humano, e um par que determina o sexo (XY determina o sexo masculino e XX determina o sexo feminino). A informação genética contida nos 46 cromossomos constitui o *genoma* humano.<sup>31</sup>

<sup>27</sup> WATSON, *op. cit.*, p. 75-99, 332-335.

<sup>28</sup> *Ibidem*, p. 75-99, 332-335; ESPÓSITO, Breno Pannia. **DNA e engenharia genética**. In: Luiz Carlos Pizarro Marin. (Coord.). 2. ed. São Paulo: Atual, 2015. p. 8.

<sup>29</sup> O sequenciamento do mtDNA foi revisado em 1999. Cf. Disponível aqui <<https://www.nature.com/articles/290457a0>> e aqui <[https://www.nature.com/articles/ng1099\\_147](https://www.nature.com/articles/ng1099_147)>. A sequência conhecida como *Cambridge Reference Sequence* (CRS) e o rCRS é o atual padrão aceito para comparação, atualmente disponível no GenBank. Cf. NCBI. Nucleotide. **Homo sapiens mitochondrion, complete genome**. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/251831106>>. Acesso em: 03 out. 2020.

<sup>30</sup> AMORIM, Antônio., FERNANDES, Teresa.; TAVEIRA, Nuno. Mitochondrial DNA in human identification: a review. **PeerJ**. v. 7. ed. 7314. p. 1-24. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.7717/peerj.7314>>. Acesso em: 04 out. 2020.

<sup>31</sup> CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA), *op. cit.*, p. 1-2.

De acordo com o Projeto Genoma Humano (PGH), a espécie humana possui aproximadamente 20.500 genes que codificam proteínas, correspondendo, aproximadamente, a 2% do total do nosso genoma.<sup>32</sup> Essa região ‘codificante’ do DNA é chamada de *éxons* e são transmitidas para a geração seguinte, por intermédio de recombinação, isto é, a informação advinda de ambos os genitores (meiose e fertilização do DNA). A região que separa um gene do outro (intergene), os *introns*, constitui a parte ‘não codificante’ do DNA, isto é, não está diretamente relacionada à produção de proteínas.<sup>33</sup>

*Locus* gênico é o local específico que um gene ocupa ao longo da fita de DNA (posição cromossômica). Uma pessoa possui dois genes em cada *locus*, isto é, em cada par de cromossomos (homólogos), um herdado da mãe e outro herdado do pai. As formas alternativas de um gene são denominadas *alelos*. Se os dois alelos em um *locus* genético em cromossomos homólogos forem iguais (por exemplo, AA), são chamados *homozigoto*. Se forem diferentes (por exemplo, Aa), são chamados *heterozigoto*. *Genótipo* é a caracterização dos alelos presentes em um *locus*.<sup>34</sup>

Muitos genótipos são *polimórficos*, isto é, variam em mais de 1% de uma população, podendo apresentar inúmeras formas entre os seres humanos. Essa *hipervariação* é o que nos torna únicos entre os indivíduos (com exceção dos gêmeos monozigóticos), daí a sua importância para a identificação humana. Em geral, a variabilidade humana é baixa. Estima-se que a maior parte da nossa sequência de pb de DNA (mais de 99,7%) seja igual entre os indivíduos e apenas cerca de 0,3 % (ou 10 milhões de nucleotídeos) sofre variação entre as pessoas, mas suficiente para a nossa diversidade genética. Como essa variação normalmente ocorre nas regiões ‘não codificantes’ (*introns*), a saúde genética do indivíduo, em geral, não é afetada.<sup>35</sup>

---

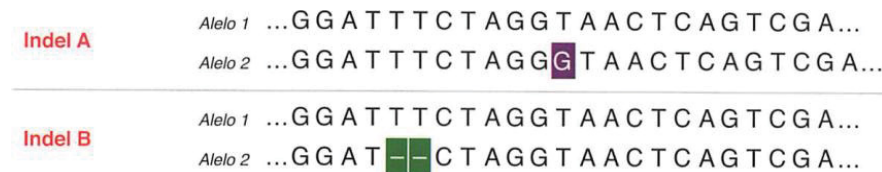
<sup>32</sup> O Projeto Genoma Humano (PGH) foi proposto com o fim de sequenciar e mapear todo o genoma humano por meio de um consórcio internacional, envolvendo pesquisadores de 18 países que participaram do projeto. Iniciado em 1º de outubro de 1990, um primeiro rascunho foi publicado em fevereiro de 2001 (Cf. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/35057062>>) e a versão concluída foi publicada em abril de 2003 (Cf. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/nature03001>>), ambos pela revista *Nature*. No início, estimava-se que o genoma humano possuía cerca de 50.000 a 100.000 genes, mas tão somente cerca de 20.500 foram identificados, correspondendo a 95% de sequenciamento, com 99,99% de precisão. Os pesquisadores do PGH decifram o genoma humano de três maneiras principais: (a) determinando a ordem, ou "sequência", de todas as bases do DNA de nosso genoma; (b) fazendo mapas que mostram a localização dos genes para as principais seções de todos os nossos cromossomos; e (c) produzindo mapas de ligação, por meio dos quais características herdadas (como as de doenças genéticas) podem ser rastreadas ao longo de gerações. Cf. NHGRI. **The Human Genome Project**. Disponível em: <<https://www.genome.gov/human-genome-project>>. Acesso em 20 set. 2020.

<sup>33</sup> BUTLER, John M. **Fundamentals of Forensic DNA Typing**. Elsevier Academic Press: San Diego, 2010. p. 25.

<sup>34</sup> CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA). **A avaliação do DNA...** *op. cit.*, p. 70-75.

<sup>35</sup> BUTLER, *op. cit.*, p. 25-30; 291.

Duas são as principais formas de polimorfismos genéticos: o *polimorfismo de comprimento* e o *polimorfismo de sequência*. Os polimorfismos de comprimento são causados por inserção ou deleção de pb, comumente referidas como InDels (in/dels), e só recentemente estão sendo utilizadas para interesses forenses. Podem ser classificadas como *simples* ou *multialélicas*. As InDels simples podem variar de 1 a 10.000 pb. A figura a seguir ilustra o exemplo do InDel A, com uma inserção de pb, e o InDel B, com duas deleções de pb:



**Figura 2 – Polimorfismos de Inserção e Deleção.** Fonte: NUSSBAUM, R.L.; McINNES, R.R.; WILLARD, H.F. **Thompson & Thompson, Genética Médica.** (Tradução Ana Julia Perrotti Garcia). 8. ed. Rio de Janeiro: Elsevier, 2016. cap. 4.

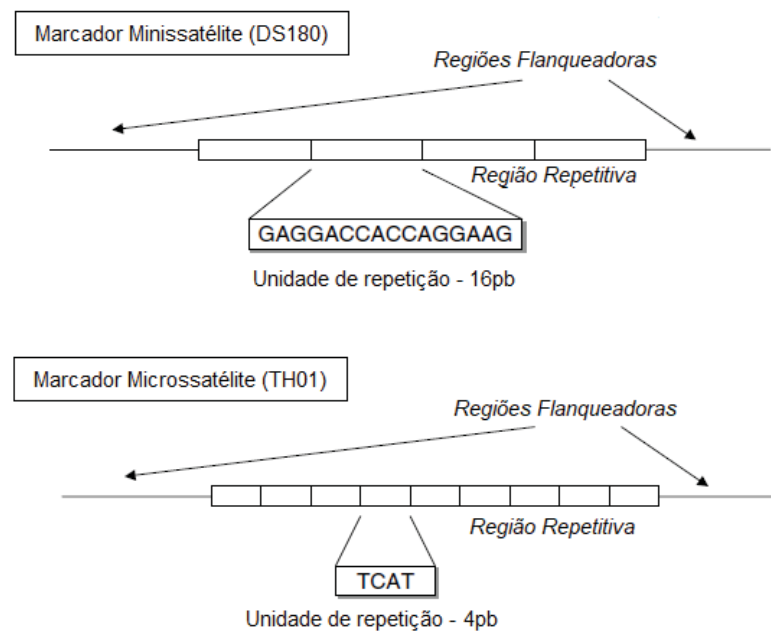
As InDels multialélicas, também conhecidas como *DNA satélite*, são sequências de nucleotídeos que se repetem lado a lado (*em tandem*). Duas são as principais categorias de interesse forense. Os *minissatélites* ou VNTRs (*variable number of tandem repeats*) são grandes sequências repetitivas de nucleotídeos com 8 ou mais pb.<sup>36</sup> E os *microssatélites* ou STRs (*short tandem repeats*) são curtas sequências repetitivas de nucleotídeos de aproximadamente 2 a 7pb. O que os difere é o tamanho das unidades de repetição, bem como o número de vezes que se repetem.<sup>37</sup>

Como o número dessas repetições varia de um alelo para outro, consequentemente, também varia o comprimento da região alvo. Portanto, diferentes alelos podem ser identificados pelos seus comprimentos ou número de repetições respectivos.<sup>38</sup> A figura a seguir ilustra os dois tipos de polimorfismos citados:

<sup>36</sup> Uma região VNTR típica contém entre 500 a 10.000 (pb), compreendendo unidades repetidas em *tandem* (lado a lado), cada qual com cerca de 15 a 35 (pb) de comprimento.

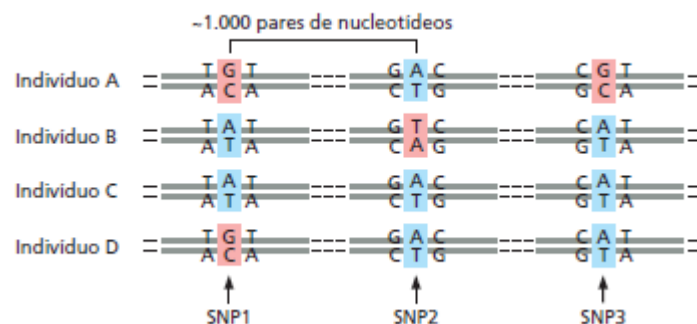
<sup>37</sup> BUTLER, *op. cit.*, p. 48-61.

<sup>38</sup> CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA). **A avaliação do DNA...***op. cit.*, p. 75-76.



**Figura 3 - Esquema de marcadores de DNA minissatélite e microsatélite (STR).** Fonte: Adaptado de BUTLER, John M. Fundamentals of Forensic DNA Typing. Elsevier Academic Press: San Diego, 2010. p. 61.

Já os polimorfismos de sequência são uma variação de base única em uma determinada localização no genoma. Essas variações na sequência podem ser manifestadas como regiões de alelos alternativos por substituições, adições ou deleções de bases, a exemplo de mutações pontuais. Os SNPS (*single nucleotid polymorphism*) ou ‘polimorfismo de nucleotídeo único’ são a forma mais comum e são responsáveis por cerca de 90% de toda a variação na sequência do genoma.<sup>39</sup> O exemplo a seguir ilustra esse tipo de polimorfismo:



**Figura 4 - Polimorfismo de nucleotídeo único.** Sequências de nucleotídeos diferem entre pessoas aproximadamente 1 em 1.000. Fonte: ALBERTS, Bruce. et al. **Biologia Molecular da Célula**. 6ª ed. Porto Alegre: Artmed, 2017. p 492.

<sup>39</sup> DANIEL, Runa; WALSH, Simon J. The Continuing Evolution of Forensic DNA Profiling - From STRS to SNPS. **Australian Journal of Forensic Sciences**. v. 38. p. 59-74. 2006. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1080/00450610609410633>>. Acesso em: 07 nov. 2020. p. 61-62.

A similaridade de alelos em regiões polimórficas entre duas pessoas pode significar a existência de uma relação de parentesco entre elas,<sup>40</sup> fato que, por si só, já revela mais do que uma impressão digital. Para efeitos de identificação ou relação de parentesco é necessária a análise de diferentes regiões polimórficas do genoma humano. Portanto, são estabelecidos vários *loci* como *marcadores* para testes genéticos.<sup>41</sup> O *locus* STR D5S818, por exemplo, é um marcador encontrado em uma região ‘não codificante’, no qual D representa DNA, 5 refere-se ao cromossomo 5, S significa sequência de cópia única e o número 818° indica a posição em que o marcador se encontra em um cromossomo específico.<sup>42</sup>

Apenas marcadores localizados nas regiões ‘não codificantes’ do genoma são utilizados em testes de identificação personalíssima e vínculo de parentesco (cerca de 5 mil a 20 mil pb ou 0,0007% do genoma humano),<sup>43</sup> muito embora marcadores em regiões codificantes já tenham sido utilizados para essa finalidade até o final da década de 1990.<sup>44</sup> Além disso, é uma noção amplamente aceita aquela que afirma que os resultados de testes de DNA para fins forenses são incapazes de revelar informações atreladas às características físicas, psicológicas ou étnicas de um indivíduo,<sup>45</sup> por não estarem implicados diretamente na expressão gênica.

No entanto, essas afirmações têm sido contestadas nos últimos anos. Por não ter uma função conhecida, a região ‘não codificante’ foi comumente, mas inadequadamente, referida como DNA “lixo” (DNA “*junk*”). Em biologia evolutiva, são sequências cujo ganho ou perda não afeta seriamente a aptidão do organismo hospedeiro. Se antes consideradas desprovidas de qualquer função biológica, descobertas recentes trazem novos *insights* sobre essa região.<sup>46</sup>

<sup>40</sup> BONACCORSO, Norma Sueli. **Aspectos técnicos, éticos e jurídicos relacionados com a criação de bancos de dados criminais de DNA no Brasil**. 2010. Tese (Doutorado em Direito Penal) - Faculdade de Direito, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2010. doi:10.11606/T.2.2010.tde-04102010-141930. Acesso em: 18 set. 2020. p. 31.

<sup>41</sup> CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (CNPq). **A avaliação do DNA...** *op. cit.*, p. 11.

<sup>42</sup> BUTLER, *op. cit.*, p. 24; 26; 56.

<sup>43</sup> ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA. **Curso Básico Sobre o Banco de Perfis Genéticos e a Legislação Aplicada - 2020.X3**. 25.11.2020 a 28.02.2021. 50h. (curso online). Unidade 1.

<sup>44</sup> Um exemplo é o gene DQA1 (ou DQAlpha) do antígeno leucócito humano (HLA), localizado no cromossomo 6, que controla muitas funções imunológicas importantes e é associado a doenças, usado na tipagem com o método da PCR desde 1990, inclusive na análise de amostras biológicas do caso *People vs. Simpson*. O FBI parou de testar esse *locus* apenas em 1999. Cf. BUTLER, *op. cit.*, p. 26; 56. Outro exemplo é o marcador STR HumARA (gene do receptor de andrógeno), localizado no ChrX, que já foi utilizado em testes de identificação humana, mas removido por estar relacionado à atrofia muscular bulboespinal (SBMA) e uma série de outros riscos à saúde. Cf. SZIBOR, Reinhard; HERING, Sandra, EDELMANN, Jeanett. The HumARA genotype is linked to spinal and bulbar muscular dystrophy and some further disease risks and should no longer be used as a DNA marker for forensic purposes. *Int. J. Legal Med.* v. 119. p. 179–180. 2005. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s00414-005-0525-0>>. Acesso em: 03 dez. 2020.

<sup>45</sup> RODRIGUES, Eduardo; GARRIDO, Rodrigo. Polimorfismos genéticos e STRs. In: FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020. p. 22.

<sup>46</sup> NIU, Deng-Ke; JIANG, Li. Can ENCODE tell us how much junk DNA we carry in our genome?. *B.B.R.C.* v. 430. p. 1340-1343. 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2012.12.074>>. Acesso em: 02 dez. 2020. p. 1340.; O projeto *Encyclopedia of DNA Elements* (ENCODE), iniciado em 2003, desenvolveu, a partir de 2007,



Pesquisas crescentes revelam que sequências de DNA não codificantes, como STRs, estão envolvidas em processos reguladores que afetam a transcrição e expressão gênica, por meio de vários mecanismos.<sup>47</sup> Esses estudos associaram variadas características em, pelo menos, 24 principais marcadores STRs forenses utilizados atualmente para fins criminais,<sup>48</sup> sugerindo que os STRs localizados nos *introns* e no fluxo ascendente (5'UTR) ou descendente (3'UTR) dos genes podem afetar o fenótipo.<sup>49</sup> *Loci* STRs forenses foram relatados como potencialmente úteis no rastreamento de doenças genéticas por meio da perda de heterozigosidade (LOH) ou desequilíbrio alélico,<sup>50</sup> conforme figura ilustrativa no anexo C.

---

métodos para mapear elementos funcionais em todo o genoma humano. Os resultados permitiram atribuir funções na atividade bioquímica em 80,4% do genoma (por exemplo, transcrição de RNA, associação de fatores de transcrição - GWAS, estrutura da cromatina e modificação de histonas), em particular, nas regiões não codificantes. Cf. THE ENCODE PROJECT CONSORTIUM. An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome. **Nature**. v. 489. p. 57–74. 2012. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/nature11247>>. Acesso em: 02 dez. 2020.

<sup>47</sup> Um exemplo é o estudo preliminar de genética comportamental realizado em 407 criminosos do sexo masculino da etnia de Han, presos, de setembro de 2003 a dezembro de 2010, por crimes que resultaram em ferimentos ou morte das vítimas, nas delegacias locais de Changzhou, China. O estudo sugeriu uma relação próxima (associação) entre três marcadores genéticos forenses (TH01, TPOX e CSF1PO) e o comportamento violento compulsivo desses infratores. Em comparação ao grupo de controle, as frequências do alelo 10, do TH01, alelo 8 e 9 do TPOX e alelo 14 do CSF1PO foram significativamente menores, bem como a frequência do alelo 11 do TOPX foi significativamente maior nos casos de tratamento. Cf. YANG, Chun et al. Case-control study of allele frequencies of 15 short tandem repeat loci in males with impulsive violent behavior. **Shanghai archives of psychiatry**. v. 25. p. 354–363. 2013. <<https://doi.org/10.3969/j.issn.1002-0829.2013.06.004>>. Acesso em: 05 dez. 2020.

<sup>48</sup> O marcador TH01-STR, por exemplo, é um dos que mais tem sido associado à características diversas (pelo menos, 27 já relacionadas), tais como transtornos esquizofrênicos em pacientes poloneses, níveis de estresse em gêmeos norte-americanos, longevidade em italianos (embora não confirmado em um estudo posterior com alemães) etc. O TH01 é uma repetição simples tetranucleotídeo (TCAT) que está localizado no íntron 1 do gene da tirosina hidroxilase no braço curto do cromossomo 11. Cf. BARBEAU, Pule. et al. A tyrosine hydroxylase microsatellite and hemodynamic response to stress in a multi-ethnic sample of youth. **Ethn. Dis.** v. 13, p. 186–192. 2003. Disponível em: <<https://www.ethndis.org/priorarchives/ethn-13-02-186.pdf>>. Acesso em: 05 dez. 2020.; JACEWICZ, Renata et al. Will genetic polymorphism of tetranucleotide sequences help in the diagnostics of major psychiatric disorders?. **Forensic. Sci. Int.** v. 162. p. 24–27. 2006. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2006.06.024>>. Acesso em: 02 dez. 2020.; DE BENEDICTIS, G. et al. Gene/longevity association studies at four autosomal loci (REN, THO, PARP, SOD2). **Eur. J. Hum. Genet.** v. 6. p. 534–541. 1998. Disponível: <<https://doi.org/10.1038/sj.ejhg.5200222>>. Acesso em: 02 dez. 2020.; WURMB-SCHWARK, Nicole Von et al. Association of TH01 with human longevity revisited. **Eur. J. Hum. Genet.** v. 19. p. 924–927. 2011. Disponível: <<https://doi.org/10.1038/ejhg.2011.43>>. Acesso em: 02 dez. 2020.; RODRIGUES; GARRIDO, *op. cit.*, p. 35. Outros marcadores foram associados ao câncer gástrico em Chineses ou à doença de tromboembolismo venoso (TEV) em mexicanos, por exemplo Cf. HUI, Liu et al. A new design without control population for identification of gastric cancer-related allele combinations based on interaction of genes. **Gene**. v. 540. p. 32–6. 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.gene.2014.02.033>>. Acesso em: 05 dez. 2020.; MERAZ-RÍOS, Marco Antonio et al. Association of vWA and TPOX polymorphisms with venous thrombosis in Mexican mestizos. **BioMed research international**, v. 2014. p. 697–689. 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1155/2014/697689>>. Acesso em: 05 dez. 2020.

<sup>49</sup> Mutações nos *introns* podem afetar o *splicing* do mRNA. Mutações STR na região 5' não traduzida (UTR) são conhecidas por modificar a expressão gênica. Mutações no 3' UTR resultam em mRNA estendido que pode ser tóxico para a célula. Cf. LI, Yon Chu et al. Microsatellites within genes: structure, function, and evolution. **Mol. Biol. Evol.** p. 991–1007. Disponível em: <<https://doi.org/10.1093/molbev/msh073>>. Acesso em: 04 dez. 2020.

<sup>50</sup> POETSCH, Micaela. et al. Evaluation of allelic alterations in short tandem repeats in different kinds of solid tumors—possible pitfalls in forensic casework. **Forensic Science International**. v. 145. p. 1–6. 2004. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2004.03.006>>. Acesso em: 05 dez. 2020; VAUHKONEN, Hanna et al. Evaluation of gastrointestinal cancer tissues as a source of genetic information for forensic investigations by using

Entretanto, mesmo que esses estudos venham a ser confirmados, Sara Katsanis<sup>51</sup> e David Kaye<sup>52</sup> ressaltam que essas associações não implicam que os marcadores forenses sejam funcionais, isto é, que são os causadores de uma característica em particular (no sentido positivo ou negativo). Vale destacar que os estudos envolvem características multifatoriais que resultam das interações entre fatores genéticos e ambientais ou da afetação de vários genes (poligênico). E o valor preditivo de quaisquer associações plausíveis dos STRs ainda se mostram triviais, ao menos de acordo com o conhecimento atual.

Uma exceção são as Trissomias,<sup>53</sup> em que quatro marcadores forenses (D21S11/Penta D; D18S51 e D13S317) foram avaliados como eficazes para a detecção da síndrome de Down (Trissomia 21), síndrome de Edwards (Trissomia 18) e síndrome de Patau (Trissomia 13), respectivamente.<sup>54</sup> Ainda que não seja uma condição médica desconhecida do doador, acaba por fornecer informações adicionais ao analista. Outras probabilidades de identificar associações significativas em marcadores forenses estão aumentando à medida que a função de regiões não codificantes na expressão do gene é constantemente revelada. A confirmação desses ou novos estudos poderá ocasionar ramificações importantes para o uso desses polimorfismos em um contexto de investigação forense, se demonstrada alguma significância nessas regiões para rastrear características diversas.<sup>55</sup>

Portanto, a afirmação de que as regiões não codificantes e polimórficas utilizadas atualmente na tipagem (análise) de DNA para fins forenses são meros identificadores está cada vez mais deixando de ser um consenso na comunidade científica e se tornando um objeto de constante interesse em diversas pesquisas. Nessa tipagem de DNA, para fins não só de identificação, mas também estabelecimento de vínculos de parentesco, os tipos de polimorfismos utilizados (VNTRs, STRs, SNPs ou InDels) dependem do método empregado e da finalidade forense executada, os quais passam-se a discutir.

---

STRs. **Forensic Science International**. v. 139. p. 159-167. 2004. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2003.10.016>>. Acesso em: 05 dez. 2020.

<sup>51</sup> KATSANIS, Sara H. et al. Characterization of the Standard and Recommended CODIS Markers. **J. Forensic Sci.** v. 58. P. 1-4. 2012. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1556-4029.2012.02253.x>>. Acesso em: 05 dez. 2020.

<sup>52</sup> KAYE, David. Please, Let's Bury the Junk: The CODIS Loci and the Revelation of Private Information. **Nw. U. L. Rev. Colloquy**. v. 102. p. 70-81. 2007. Disponível em: <[https://scholarlycommons.law.northwestern.edu/nulr\\_online/81](https://scholarlycommons.law.northwestern.edu/nulr_online/81)>. Acesso em: 06 dez. 2020.

<sup>53</sup> Doença genética diagnosticada pela presença de um terceiro alelo em um par de cromossomo.

<sup>54</sup> YOON, Hye Ryoung; PARK, Young Suk.; KIM, Young Kee. Rapid Prenatal Detection of Down and Edwards Syndromes by Fluorescent Polymerase Chain Reaction with Short Tandem Repeat Markers. **Yonsei Med J.** v. 43. p. 557-566. Disponível em: <<https://doi.org/10.3349/ymj.2002.43.5.557>>. Acesso em: 05 dez. 2020.

<sup>55</sup> WYNER, Nicole; BARASH, Mark; MCNEVIN, Dennis. Forensic Autosomal Short Tandem Repeats and Their Potential Association With Phenotype. **Frontiers in Genetics**. v. 11. p. 884. 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00884>>. Acesso em: 04 dez. 2020.

## 1.2 A Tecnologia da Tipagem de DNA<sup>56</sup>

As tecnologias usadas para realizar análises forenses de DNA se distinguem pela sua capacidade de diferenciar dois indivíduos e pela velocidade com que os resultados podem ser obtidos.<sup>57</sup> Cada método de tipagem de DNA apresenta suas próprias vantagens e limitações, banco de dados, critérios de correspondência, marcadores de peso molecular e técnicas de divulgação de resultados.<sup>58</sup> Ocorre que as tecnologias de tipagem de DNA estão em constante desenvolvimento, de modo que o estágio atual de conhecimento e as práticas referentes aos métodos e marcadores utilizados podem estar superados nos próximos anos.

O primeiro método desenvolvido para a detecção e análise de regiões polimórficas foi a RFLP (*restriction fragment length polymorphism*) ou polimorfismos do comprimento do fragmento de restrição, desenvolvido por Raymond White e colaboradores da Universidade de Utah.<sup>59</sup> Foi o método inicialmente utilizado por Alec Jeffreys e sua equipe. Nessa abordagem, uma sequência de VNTRs (minissatélites) é cortada com uma *enzima de restrição* (uma espécie de tesoura biológica inteligente), cujo comprimento dependerá da localização dos pontos de cisão reconhecidos pela enzima.<sup>60</sup> Após, eram analisados diferentes fragmentos de restrição

---

<sup>56</sup> A tipagem do DNA é considerada uma extensão da tipagem das proteínas codificadas pelo próprio DNA. A primeira ferramenta genética utilizada para distinguir indivíduos foi a determinação sanguíneo ABO, descrito por Karl Landsteiner, um pesquisador austríaco da Universidade de Viena, em 1900. Ele descobriu que sangues de pessoas diferentes se aglutinavam quando eram misturados. Essa descoberta lhe rendeu o Prêmio Nobel de Medicina em 1930. Dos quatro grupos existentes – A, B, AB e O –, aproximadamente o tipo O e A são observáveis na maior parte da população, 43% e 42% respectivamente, o tipo B em 12% e o tipo AB em 3%. Os grupos sanguíneos acabam sendo úteis apenas para excluir um indivíduo de ser a fonte de uma mostra oriunda da cena do crime, mas não é útil quando uma inclusão for feita, em especial se a amostra for do tipo A ou O. Também foi a primeira ciência genética utilizada nos tribunais italianos como prova forense em 1915, se espalhando para outros países da Europa e Estados Unidos nas décadas seguintes. Outros sistemas de tipagem sanguínea genética foram desenvolvidos, como o sistema MN, descrito por Karl Landsteiner e Levine, em 1927, e o fator Rh, descoberto em 1937, por Alexander Weiner e Karl Landsteiner. Atualmente, a Sociedade Internacional de Transfusão de Sangue – ISBT, reconhece 36 sistemas principais de grupos sanguíneos. (Cf. <https://www.isbtweb.org/>). Algumas proteínas também foram utilizadas para identificação humana até o início de 1980, por fornecerem certo grau de poder discriminatório. Mas como as proteínas possuem baixo poder de discriminação (~ 1 em 100), não são tão estáveis como o DNA para amostras forenses e oferecem resolução limitada dos métodos de detecção. Cf. BUTLER, *op. cit.*, p. 44, 46-47, 66.

<sup>57</sup> BUTLER, *op. cit.*, p. 43.

<sup>58</sup> CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA), *op. cit.*, p. 6; 15.

<sup>59</sup> BOTSTEIN, David et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **Am. J. Hum. Genet.** v. 32. p. 314-331. 1980. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1686077/>>. Acesso em: 04 out. 2020.

<sup>60</sup> Por exemplo, a enzima *HaeIII* reconhece a sequência GGCC (CCGG no outro filamento), e cada vez que essa sequência aparece no genoma da amostra processada dois fragmentos do DNA são produzidos, cujos comprimentos são determinados pelas distâncias entre as sequências GGCC sucessivas. Cf. BUTLER, *op. cit.*, p. 53.



(RFs) do DNA que diferem (são polimórficas) em tamanho (comprimento) entre os indivíduos.<sup>61</sup>

Como os testes RFLP exigiam muito DNA (>50ng) intacto e com a fita dupla, bem como tinham alto peso molecular (>12kb), apresentavam alto poder de discriminação (~ 1 em bilhões com apenas 6 loci), além de facilitar a análise de amostras mistas, em razão do grande número de alelos necessários em cada *locus*. Por outro lado, esse método apresentou sérias limitações em casos forenses, uma vez que as amostras encontradas em cenas de crimes frequentemente estão degradadas ou em quantidades limitadas, gerando baixo poder discriminatório entre irmãos, em razão do número limitado de *loci* validados (4 a 6).<sup>62</sup>

Além disso, os testes RFLP, exigiam, em média, 6 a 8 semanas para serem concluídos, quando realizados com sondas radioativas (apresentando também riscos à saúde) e, aproximadamente, uma semana com sondas quimioluminescentes, desenvolvidas em meados de 1990. Todavia, em ambos os casos não se pode automatizar o processamento das amostras<sup>63</sup> e, por esses motivos, não é recomendado o uso de sondas para análises voltadas à elucidação de crimes.<sup>64</sup>

Em 1990, começou a ser utilizado o método baseado na PCR (*polymerase chain reaction*) ou reação em cadeia da polimerase, descrito pela primeira vez em 1971, por Kjell Kleppe e Gobind Khorana, e desenvolvido em 1985, por Kary Mullis e membros do *Human Genetics* da então *Cetus Corporation*.<sup>65</sup> Trata-se de um procedimento de amplificação do DNA, criando bilhões de cópias de uma sequência específica em questão de horas e com custos menores, semelhante ao processo de replicação do DNA, a fim de detectar o genótipo do

---

<sup>61</sup> A técnica inicialmente utilizada para análise de DNA com o método RFLP foi desenvolvida por Edwin Southern, em 1975, conhecido como *Southern blotting*. Em síntese, após a extração e quantificação do DNA, (1) o material é cortado por enzimas de restrição em fragmentos VNTR específico a ser analisado. (2) Esses fragmentos são separados por eletroforese tomando por base o tamanho (geralmente realizada em géis de agarose ou acrilamida). Os fragmentos são, então, (3) desnaturados, isto é, a dupla fina é separada formando um único filamento e (4) transferidos para uma membrana de náilon, à qual são fixados (para facilitar a detecção). Uma sonda radioativa ou quimioluminescente (*multilocus* e, posteriormente, de *locus* único) é, então, adicionada para (5) hibridizar (unir) o RF alvo desnaturado. (6) Quando a membrana é colocada em um filme fotográfico, as sondas tiram sua própria fotografia (autorradiografia), produzindo bandas escuras em posições que correspondem a fragmentos específicos do DNA, semelhante a um código de barras, (7) podendo ser analisados e comparados. Esse processo era realizado em quatro ou mais *locus* diferentes. Se as bandas não coincidirem, a amostra questionada de DNA não se origina do mesmo indivíduo. Cf. CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA), *op. cit.*, p. 3-4, 39-40; CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA). **A avaliação do DNA...** *op. cit.*, p. 18-19.

<sup>62</sup> BUTLER, *op. cit.*, p. 49-54, 66.

<sup>63</sup> *Ibidem*, p. 49-54, 66.

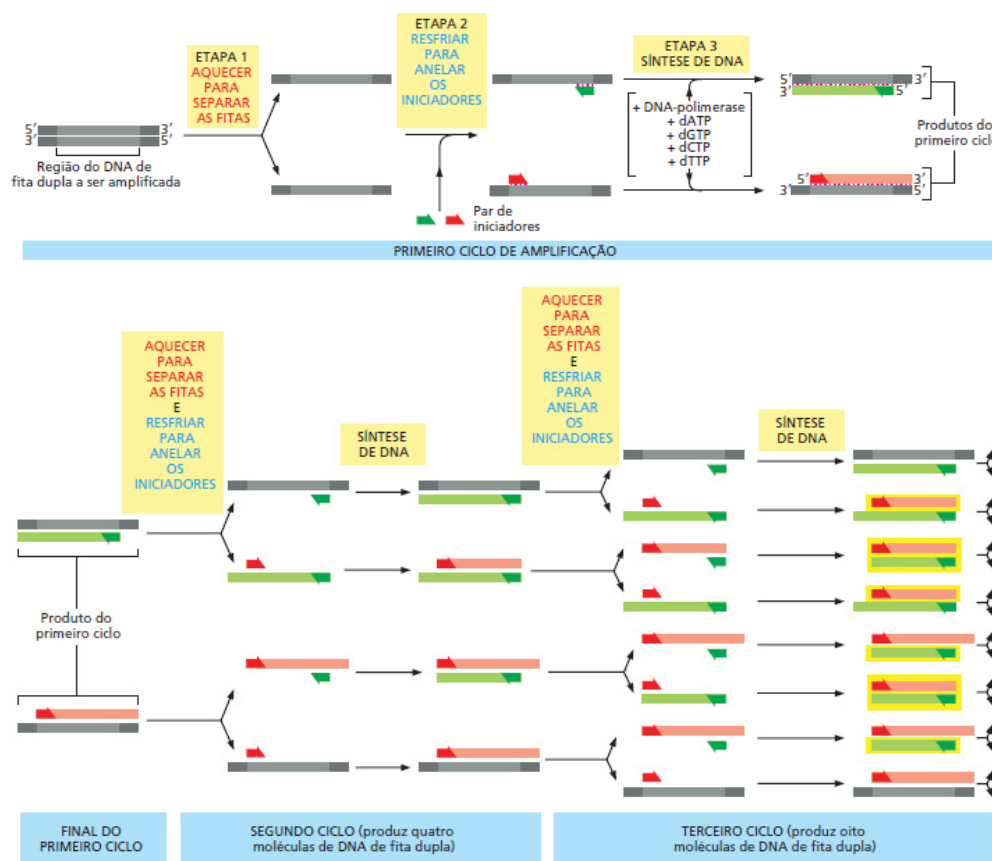
<sup>64</sup> BONACCORSO, *op. cit.*, p. 34.

<sup>65</sup> Os primeiros testes baseados em PCR analisavam polimorfismos de sequência codificantes com os *locus* HLA DQA1, LDLR, GYPA, HBGG, D7S8 and GC analysis). Cf. KASHYAP, Vijendra. K. et al. DNA Profiling Technologies in Forensic Analysis. **International Journal of Human Genetics**. v. 4. ed. 1. p. 11-30. 2004. Disponível em: <<https://doi.org/10.1080/09723757.2004.11885864>>. Acesso em: 8 nov. 2020.

produto amplificado (*amplicons*). A invenção rendeu o Prêmio Nobel de Química à Mullis em 1993, sendo esse o método amplamente utilizado atualmente.<sup>66</sup>

Com essa amplificação, mesmo amostras de baixa qualidade (altamente degradadas) e quantidade (entre 0,1 e 1ng) podem ser detectáveis (por exemplo, saliva extraída de uma guimba de cigarro). Essa vantagem também possibilita o armazenamento de parte das amostras para contraprova, o que antes era impossível com o método RFLP. Basicamente, é um processo enzimático, realizado *in vitro*, que envolve três fases: *desnaturação*, com a separação da fita dupla do DNA; *hibridização*, com a ligação de iniciadores (*primers*) ao DNA alvo a ser amplificado, cujas sequências são complementadas; e *extensão* dos iniciadores com a enzima DNA polimerase, para a replicação de cada fita como modelo.

Cada ciclo se repete em torno de 20 a 35 vezes, podendo ser feito simultaneamente em duas ou mais regiões do DNA (*PCR multiplex*), conforme ilustrado na figura a seguir:



**Figura 5 - PCR:** No primeiro ciclo, um par de iniciadores promove a síntese de um segmento de DNA de interesse em um tubo de ensaio e então utiliza repetidos ciclos de separação das fitas, hibridização e síntese para amplificar o DNA. Fonte: ALBERTS, Bruce. et al. **Biologia Molecular da Célula**. 6<sup>a</sup> ed. Porto Alegre: Artmed, 2017. p 473-474.

<sup>66</sup> Cf. KLEPPE, Kjell et al. Studies on polynucleotides. XCVI. Repair replication of short synthetic DNA's as catalysed by DNA polymerases. **Journal of Molecular Biology**. v. 56. p. 341-361. 1971.; MULLIS, Katy B. Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. **Cold Spring Harb Symp Quant Biol**. v. 51. ed. 1. p. 263-273. 1986; e BUTLER, John M. **Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Methodology**. Elsevier Academic Press: San Diego, 2012. p. 69.

O método PCR também apresenta limitações, tais como, o modelo de DNA alvo pode não ser amplificado devido à presença de inibidores de PCR no DNA extraído (substâncias que coexistem com o DNA). A amplificação também pode falhar devido a alterações na sequência da região de ligação dos iniciadores. Níveis muito baixos de DNA podem levar a *efeitos estocásticos*, uma falsa homozigidade provocada pela amplificação preferencial de um alelo em relação ao outro. E em casos extremos, pode ocorrer *drop out*, isto é, falha na detecção de determinado alelo, ou *drop in*, que são picos extras de produto amplificado não específicos. Esses fatores prejudicam a detecção e análise dos segmentos de interesse do DNA. No mais, por ser uma técnica sensível a pequenas quantidades de DNA, qualquer procedimento da PCR é suscetível à contaminação da amostra com DNA de pessoas não relacionadas ao fato.<sup>67</sup>

Apesar dessas limitações, o método da PCR substituiu amplamente os RFPL, bem como o uso dos STRs substituiu os VNTRs como marcadores forenses de rotina para exames de DNA.<sup>68</sup> Os STRs são facilmente amplificados pela PCR, em razão da pequena quantidade de repetição (~100pb a 400pb), em comparação com VNTRs de *minissatélites* médios (~400pb a 1000pb), o que facilita a análise de amostras complexas que estão degradadas, com baixa concentração de DNA ou misturadas, comuns em amostras encontradas em cenas de crimes. Outra vantagem é o afastando de alguns problemas, como o abandono de alelos maiores causados pela amplificação preferencial de alelos menores, aumentando as chances de serem amplificados para posterior análise do tamanho dos fragmentos de DNA.<sup>69</sup>

Entre os vários tipos de STR, os tetranucleotídeos (quatro nucleotídeos na unidade de repetição) (GATA)<sub>n</sub> têm sido mais aplicados do que os di- e trinucleotídeos. Permitem o desenvolvimento de PCR *multiplex* e elevam as chances de *amplicons* de amostras degradadas. Além disso, reduzem a ocorrência de artefatos técnicos (neste caso, também com os

<sup>67</sup> *Ibidem*, cap. 4; GIUSTINA, Ana Carolina Bernardi et al. Reação em cadeia da polimerase. In: FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020. p. 182-183.

<sup>68</sup> CERQUEIRA, Caio Cesar Silva de. Viabilidade da predição de fenótipos humanos na prática da genética forense: aspectos técnicos e jurídicos. In: SCHIOCCHET, Taysa; GARRIDO, Rodrigo Grazinolli. (Org.). **Bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal: práticas periciais e impactos jurídico-sociais (I)**. 1 ed. Rio de Janeiro: Multifoco, 2018. p. 51-78.

<sup>69</sup> Milhares de *loci* microssatélites polimórficos já foram caracterizados. Novos marcadores STR geralmente são identificados pesquisando em bancos de dados como a *GenBank*, que mantém a catalogação da variação genética da espécie humana (entre outras espécies), pelo *National Center for Biotechnology Information* (NCBI), ou realizando métodos de isolamento de biologia molecular. Os critérios de seleção para *loci* STR envolvem: (a) alto poder discriminante com heterozigidade de 70%; (b) localização separada dos cromossomos ou amplamente espaçada, para evitar problemas de ligação entre marcadores; (c) reprodutibilidade quando multiplexados com outros marcadores; (d) baixo percentual de *Stutter*; (e) baixa taxa de mutação; e (f) comprimento de 90b a 500pb, com menores tamanhos para amostras degradadas. Cf. NCBI. **Genome. Homo Sapiens (human)**. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=homo+sapiens>>. Acesso em: 29 set. 2020; BUTLER, **Advanced...** *op. cit.*, p. 99-103.

pentanucleotídeos). É um fenômeno conhecido como *Stutter* (*amplicons* de uma ou mais unidades de repetição diferente do alelo genuíno que surgem durante a PCR em razão do desligamento da fita), cuja ocorrência dificulta a análise de amostras complexas.<sup>70</sup>

Embora as regiões STR individuais não sejam tão discriminatórias quanto os VNTRs, a análise de várias regiões STRs simultaneamente permite maior poder discriminatório entre indivíduos. Para finalidades de identificação humana, são desejáveis marcadores genéticos que possuam maior variabilidade e, em se tratando de amostras oriundas de cenas de crimes, àqueles com maior facilidade na análise de amostras complexas e com maiores chances de serem amplificados por PCR. Por esses motivos, em razão das vantagens em termos biológicos e tecnológicos, os STRs são atualmente os marcadores utilizados para identificação humana.<sup>71</sup>

Em conjunto com a análise de STR, o sistema de amelogenina, um gene que codifica proteínas encontradas no esmalte dos dentes, é o método mais utilizado para a tipagem sexual, com o fim de identificação do sexo. Nesse método, conjuntos específicos de *primers* de PCR são utilizados para identificar *amplions* gerados de ambos os cromossomos sexuais. Várias deleções de pb entre um e outro cromossomo são usados para diferenciá-los, por exemplo, *amplions* de 106 e 112 pb do cromossomo X e Y, respectivamente. Como esse sistema também não é infalível, raros resultados falsos podem ser gerados, como devido aos locais de ligação do *primer* que levam a alelos nulos ou deleções cromossômicas. Por exemplo, uma rara deleção do gene da amelogenina no cromossomo Y, fazendo com que apenas o *amplicon* X seja amplificado, fornece uma amostra masculina falsamente como feminina.<sup>72</sup>

Além dos marcadores STR autossômicos, marcadores do cromossomo Y (ChrY ou Y-STR) e algumas sequências do DNA mitocondrial (mtDNA) representam marcadores de linhagem, pois são passados de geração em geração sem alteração (exceto quando eventuais mutações ocorrem). A informação genética de cada marcador é referida como haplótipo (em vez de genótipo), por ter apenas um alelo por indivíduo (herança uniparental). Considerando que esses marcadores não são recombinados a cada geração como os genótipos de marcadores autossômicos, não são tão eficazes na diferenciação entre os indivíduos, fornecendo baixa variabilidade.<sup>73</sup>

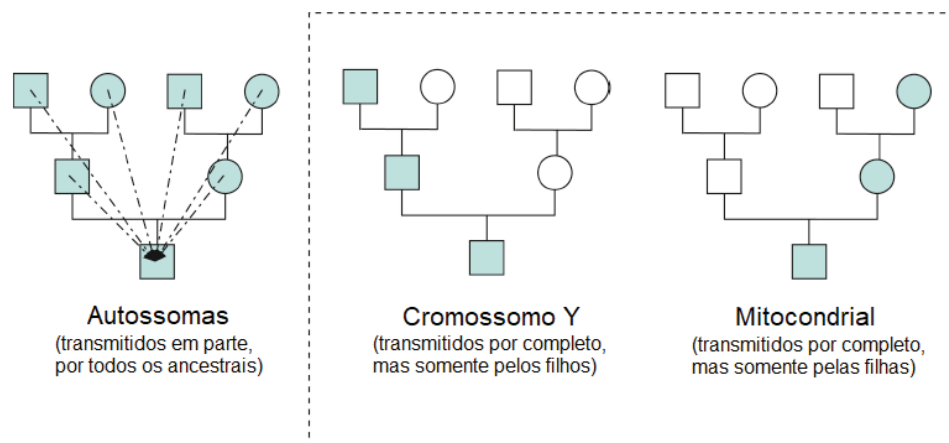
<sup>70</sup> Na prática, as taxas de recuperação de informações de amostras de DNA comprometidas melhoram com os sistemas mini-STR (~70-300pb) em comparação com os STRs convencionais. Cf. *Ibidem*, p. 99-103; RODRIGUES; GARRIDO, *op. cit.*, p. 29-32; SENGE, Tim. et al. STRs, mini STRs and SNPs – A comparative study for typing degraded DNA. **Legal Medicine**. v. 13. p. 68-74. 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.legalmed.2010.12.001>>. Acesso em: 30 dez. 2020.

<sup>71</sup> RODRIGUES; GARRIDO, *op. cit.*, p. 3-38.

<sup>72</sup> O *Forensic Science Service* - FSS foram os primeiros a descrever os conjuntos de primers de PCR específicos usados hoje em dia nos laboratórios de DNA forense. Cf. BUTLER, **Advanced...** *op. cit.*, p. 130-131.

<sup>73</sup> BUTLER, *op. cit.*, p. 363.

Por essa razão, os marcadores ChrY e mtDNA são particularmente úteis nos trabalhos forenses envolvendo amostras físicas de agressão sexual (como separar sêmen de fluido vaginal ou detectar a quantidade de doadores em amostras misturadas), pesquisa familiar investigativa, inferência biogeográfica, migrações, pessoas desaparecidas, vítimas de desastres e testes de paternidade. Ambos surgiram como ferramentas adicionais aos marcadores autossômicos STRs. Esses marcadores também são muito utilizados em estudos evolutivos e doenças genéticas. A figura a seguir ilustra os diferentes padrões de herança:



**Figura 6** - Ilustração dos padrões de herança da recombinação de marcadores genéticos autossômicos e os marcadores de linhagem do cromossomo Y e do DNA mitocondrial. Fonte: Adaptado de BUTLER, John M. **Fundamentals of Forensic DNA Typing**. Elsevier Academic Press: San Diego, 2010. p. 365. (Tradução livre).

O ChrY é encontrado apenas no sexo masculino e possui aproximadamente 60 milhões de nucleotídeos. Cerca de 95% são conhecidas como *porção não combinada* ou NRY, o que significa que é sempre transmitido exclusivamente pela linhagem paterna (exceto pelo acúmulo gradual de mutações). Marcadores genéticos nessa região são particularmente úteis em investigações criminais e rastreamento de linhagens genéticas masculinas com elevado grau de certeza, que podem ser realizadas com marcadores Y-STRs ou Y-SNPs, com os primeiros fornecendo maior variabilidade ( $\sim 1$  em 303 e  $\sim 1$  em 108, respectivamente).<sup>74</sup>

A transmissão de mitocôndrias ocorre de mãe para filhos, portanto o mtDNA de irmãos, meio-irmãos ou outros parentes por parte de mãe são indistinguíveis, formando os chamados *haplogrupos*. A vantagem do mtDNA em relação ao DNA nuclear é a maior probabilidade de se obter um resultado de tipagem de DNA, a partir de amostras biológicas muito pequenas, antigas ou degradadas, como em tecidos ósseos, dentes e cabelos, devido à sua natureza circular e seu elevado número de cópias. Estudos forenses se concentraram em três regiões

<sup>74</sup> BUTLER, *op. cit.*, p. 364-367.



hipervariáveis, comumente referidas como HVI (posições 16.024 a 16.365 ou 342 pb), HVII (posições 73 a 340 ou 268pb) e HVIII (posições 438 a 574 ou 139pb), contendo polimorfismos de sequência (SNPs). Essas regiões estão situadas nas regiões não codificantes, com 1122pb, também denominadas regiões de controle ou *D-loop*.<sup>75</sup>

Mas o mtDNA também apresenta alguns desafios, como a existência de *heteroplasmia* e de *pseudogenes nucleares*.<sup>76</sup> A *heteroplasmia* significa a presença de mais de um tipo de mtDNA em um único tecido (por exemplo, sangue), tipos diferentes de mtDNA em diferentes tecidos (por exemplo, sangue e cabelo) ou tipos diferentes de mtDNA em diferentes amostras de tecidos (por exemplo, vários fios de cabelo). Já os *pseudogenes* ocorrem quando há a migração e a integração de uma parte do mtDNA para o DNA nuclear, podendo ser amplificados em vez da região mtDNA alvo. Ambos dificultam a análise e levantam questionamentos a respeito da admissibilidade e confiabilidade para uma espécie de prova criminal.<sup>77</sup> Apesar disso, especialistas defendem o uso de mtDNA para identificação humana como alternativa ao DNA nuclear quando este último for insuficiente para tipagem, como geralmente ocorre nos casos de restos mortais não identificados, por exemplo.<sup>78</sup>

Marcadores SNPs também têm sido aplicados à identificação humana a título complementar em relação aos resultados obtidos por STRs quando estes são insuficientes, inclusive, já cogitados pela comunidade científica para substituição aos atuais STRs.<sup>79</sup> Em

<sup>75</sup> Com polimorfismo em menor proporção, a região HVIII é analisada quando as amostras HVI e HVII forem indistinguíveis. Cf. BUTLER, *op. cit.*, p. 375-383.; AMORIM; FERNANDES; TAVEIRA; *et. seq.*

<sup>76</sup> Além disso, estudos recentes apontaram para a possibilidade de herança biparental, isto é, são casos excepcionais em que o mtDNA paterno pode ser transmitido para a prole. Cf. LUO, Shiyu et al. Biparental Inheritance of Mitochondrial DNA in Humans. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**. v. 115. ed. 51. p. 13039-13044. 2018. Disponível em: <<https://doi.org/10.1073/pnas.1810946115>>. Acesso em: 04 out. 2020.

<sup>77</sup> Acredita-se que todos os indivíduos são heteroplasmáticos, já que o genoma do mtDNA evolui de 6 a 17 vezes a mais que o DNA nuclear. Geralmente, quando ocorre, difere em uma única base e alguns protocolos recomendam o sequenciamento de vários tipos de tecidos para confirmar a heteroplasmia ou utilizar uma amostra referência da mesma natureza da amostra questionada. Com relação aos pseudogenes, iniciadores comumente usados e uma PCR direta raramente causam esse problema, porque o número de cópias inicial do DNA nuclear é muito menor do que o mtDNA. Cf. BUTLER, *op. cit.*, p. 377; 380.

<sup>78</sup> AMORIM; FERNANDES; TAVEIRA; *et. seq.*; PINTO, Leticia B.; CAPUTO, Isamara G. C.; PEREIRA, Margaret M. Importância do DNA em Investigações Forenses: Análise de DNA Mitochondrial. **Brazilian Journal of Forensic Sciences, Medical Law and Bioethics**. v. 6. p. 84-107. 2016. Disponível em: <[http://dx.doi.org/10.17063/bjfs6\(1\)y201684](http://dx.doi.org/10.17063/bjfs6(1)y201684)>. Acesso em: 04 out. 2020; FILHO, Rodrigues Dias Filho; GARRIDO, Grazioli Garrido; CÂNDIDO, Ian Marques. Cadeia de Custódia, Coleta e Acondicionamento de amostras forenses. In: FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020. p. 44.

<sup>79</sup> Entretanto, essa substituição, ao menos por ora, se mostrou improvável, em especial, em virtude do significativo investimento já realizado com marcadores STRs em bancos de perfis genéticos (como veremos no capítulo seguinte). Não obstante algumas vantagens dos SNPs, a mudança demandaria a reanálise de amostras, o que, além do alto custo, seria inviável pela falta de retenção de amostras em muitos países. Além disso, o uso de sistemas diferentes comprometeria a capacidade de comparações transfronteiriças, necessitando uma mudança universal da plataforma de tipagem de DNA. Cf. GILL, Peter. et al. An assessment of whether SNPs will replace STRs in national DNA databases--joint considerations of the DNA working group of the European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI) and the Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGDM). **Science**

razão de gerar *amplicons* menores que os STRs (inferiores à 100pb), há uma potencialização nos resultados oriundos de amostras severamente degradadas ou pouco DNA-molde. Outras vantagens são a ausência de *Stutter*, a baixa taxa de mutação ( $\sim 10^{-8}$ ) em relação aos STRs ( $\sim 10^{-3}$ ) e, por serem geralmente marcadores bialélicos (por exemplo, A e B)<sup>80</sup>, podendo gerar apenas três genótipos possíveis (AA, AB e BB), possuem alto potencial de automação.<sup>81</sup>

Por outro lado, em razão dessa menor diversidade alélica (menos polimórficos), cerca de 25 a 45 SNPs são necessários para obter um poder de discriminação equiparável à 13 *loci* STRs<sup>82</sup>. Ademais, apesar de ser possível, há dificuldades na criação de ensaios para PCR *multiplex*, justamente em razão da necessidade de um amplo painel para se obter a discriminação necessária.<sup>83</sup> Várias tecnologias de genotipagem SNP foram desenvolvidas e são baseadas em vários métodos de discriminação e detecção alélica.<sup>84</sup>

Além da identificação humana, os marcadores SNPs e InDels são particularmente úteis para análise de parentesco/linhagem, identificação de restos mortais em desastres em massa e na predição de fenótipos, chamada *Forensic DNA Phenotyping* (FDP) ou fenotipagem forense através do DNA. O FDP estuda a “probabilidade de uma determinada pessoa ter determinada característica”,<sup>85</sup> como a pigmentação dos olhos, cabelo e pele, altura etc., realizada a partir dos vestígios biológicos. Mais recentemente, estimativas de ancestralidade biogeográfica, com fins de estimar a origem étnica do indivíduo (por exemplo, Europeia, Ameríndia, Africana, Asiática etc.) também estão sendo exploradas no campo forense.<sup>86</sup>

Os desenvolvimentos na área da biotecnologia cada vez mais acabam aumentando o alcance de suas aplicações no âmbito da ciência forense, em especial, na investigação criminal. As possibilidades e desafios se modificam à medida que novas formas de obtenção de

---

**& Justice.** v. 44. p. 51-53. jan. 2004. Disponível em: <[https://doi.org/10.1016/S1355-0306\(04\)71685-8](https://doi.org/10.1016/S1355-0306(04)71685-8)>. Acesso em: 07 nov. 2020.

<sup>80</sup> Significa que o nucleotídeo que está presente é uma de duas possibilidades.

<sup>81</sup> Os InDels possuem características bastante semelhantes, como *amplicons* menores (inferiores à 150pb), baixa taxa de mutação, (em torno de  $2 \times 10^{-8}$ ) e ausência de *Stutter*. Porém, são menos utilizados Cf. CERQUEIRA, Caio Cesar Silva de.; PABLO, Abdon da Costa Francez. Polimorfismos SNPs e INDELS. In: FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020. p. 306-326.

<sup>82</sup> Aqui refere-se à uma comparação com os 13 primeiros *loci* utilizados no *software* CODIS pelo FBI em 1997.

<sup>83</sup> RODRIGUES; GARRIDO, *op. cit.*, p. 39; GILL, Peter. et al. *et seq.*

<sup>84</sup> Ensaio de mini sequenciamento (*SnapShot*) é o método mais popular em laboratórios forenses, pois é simples, econômico e confiável DANIEL. Cf. DANIEL; WALSH, *op. cit.*, p. 59-74. 2006. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1080/00450610609410633>>. Acesso em: 07 nov. 2020. p. 65.

<sup>85</sup> CERQUEIRA, *op. cit.*, p. 58.

<sup>86</sup> O estudo de marcadores informativos de ancestralidade (AIMs, do inglês *Acestry Informative Markers*) são usados para inferir ancestralidade biogeográfica e, indiretamente, predizer características fenotípicas. Trata-se de marcadores dispersos em todo o genoma humano que possuem grandes diferenças nas frequências alélicas de determinados loci entre distintas populações. Cf. CERQUEIRA; PABLO, *op. cit.*, p. 306-326. Como essas estratégias (fenotipagem e ancestralidade biogeográfica) dependem da utilização de bancos populacionais (não forenses), não serão abordadas nessa pesquisa.

informação das regiões polimórficas do DNA são descobertas para fins de identificação humana e estabelecimento de relações de parentesco. Logo, o interesse por diferentes marcadores está relacionado ao quão importante e viáveis são os novos perfis informativos para a prática forense. Todas essas implicações possuem reflexo na prova baseada no perfil genético em contextos criminais, em especial em termos de confiabilidade e valor probatório.

### 1.3 Perfil Genético: Vantagens, Limitações e Desafios no Contexto Criminal

A coleta de vestígios encontrados no local de crime e/ou na vítima (exame de corpo de delito)<sup>87</sup> pode fornecer informações investigativas indiretas ou pistas para solucionar um crime, como a identificação de um potencial suspeito. Contudo, nem sempre materiais biológicos são capazes de vincular e identificar diretamente um suspeito, mas certamente podem ser úteis para identificar a dinâmica dos fatos e direcionar o curso da investigação. Isto porque o objetivo da investigação “não é predeterminar se um suspeito em potencial é culpado ou inocente”, mas “fornecer informações úteis para o investigador criminal investigar os casos”.<sup>88</sup>

Os materiais genéticos, oriundos de vestígios biológicos, constituem matéria-prima da genética forense, um ramo das ciências forenses que se utiliza de conhecimentos e métodos genéticos validados de cunho técnico-científico, como ferramenta de informação relevante para uma investigação, aqui em especial, a investigação criminal.<sup>89</sup> Os vestígios biológicos mais comuns e de interesse forense são manchas de sangue, cabelos, sêmen, secreções mucosas (saliva), tecido epitelial, urina, ossos, suor, fezes, dentes e músculos.<sup>90</sup> Portanto, exames de DNA têm como fim obter um perfil genético de um indivíduo.

O exame de DNA pode ser utilizado para associar uma vítima a um suspeito, uma vítima ou suspeito à cena de um crime ou diferentes cenas de crimes entre si. Essas ligações são possíveis devido à transferência de vestígios biológicas de uma pessoa (suspeito, vítima ou testemunha) para o corpo e/ou roupa de outra pessoa (suspeito, vítima ou testemunha), objeto

<sup>87</sup> Na legislação brasileira, a perícia criminal é indispensável quando o crime deixar vestígios. De acordo com o CPP, *vestígio é todo objeto ou material bruto, visível ou latente, constatado ou recolhido, que se relaciona à infração penal*. Cf. Artigos 158, *caput*, e 158-A, §3º, do Código de Processo Penal Brasileiro.

<sup>88</sup> Tradução livre de: *The goal is not to predetermine whether a potential suspect is guilty or innocent. The major objective of physical evidence examination is to provide useful information for the criminal investigator to investigate cases.* LEE, Henry C., PAGLIARO, Elaine M. *Forensic Evidence and Crime Scene Investigation. Journal of Forensic Investigation*. v. 1. ed. 2. p. 1-5. 2013. Disponível em: <<https://www.avensonline.org/fulltextarticles/JFI-2330-0396-01-0004.html>>. Acesso em: 04.10.2020.

<sup>89</sup> FILHO, Claudemir Rodrigues Dias; MENEZES, Meiga Aurea Mendes; FRANCEZ, Pablo Abdon da Costa. História da Genética Forense. In: FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020. p. 6.

<sup>90</sup> FILHO; GARRIDO; CÂNDIDO, *op. cit.*, p. 45.



ou cena de um crime, por depósito direto ou por meio de um intermediário (pessoa ou objeto).<sup>91</sup> Tais associações são possíveis por meio da comparação entre os perfis genéticos obtidos das amostras.

Para a obtenção de um perfil genético (extraído da amostra biológica), várias etapas são necessárias. Primeiramente, são feitos *testes de triagem*, que são iniciados após as amostras serem submetidas ao laboratório. Nessa etapa, busca-se identificar se materiais biológicos estão presentes no kit e, em caso positivo, se o material é humano. A título de exemplo, o teste *Kestle-Meyer* é feito para detecção de sangue ou teste de amilase feito para detecção de saliva. Destaca-se que se a amostra é muito pequena, o exame é realizado diretamente, a fim de evitar perda de material com testes preliminares.<sup>92</sup>

Após os testes de triagem, o procedimento básico para a obtenção de um perfil genético possui as seguintes fases (praticamente a mesma em outros países): (a) *coleta*, do local de crime, da vítima ou do suspeito, devendo ser acondicionada e caracterizada; (2) *extração* ou isolamento do DNA das demais substâncias celulares, como as proteínas, lipídeos etc.; (3) *quantificação* necessária de DNA extraído para o processamento do teste e *qualificação* do DNA obtido para afastar inibidores da PCR; (4) *amplificação* para aumentar a concentração da região de interesse; (5) *eletroforese capilar* para separar e detectar os fragmentos de DNA amplificados; (5) *análise* dos produtos detectados e sua conversão em genótipo ou perfil genético e (6) *cálculos* estatísticos.<sup>93</sup>

Com o resultado da genotipagem da amostra, um perfil genético é produzido a partir da combinação de genótipos obtidos de múltiplos *loci* analisados, representado em uma única série

<sup>91</sup> LEE, Henry C.; LADD, Carll. Preservation and Collection of Biological Evidence. **Croatian Medical Journal**. v. 32. p. 225-228. 2001. Disponível em: <[https://www.abacusdiagnostics.com/Collection\\_of\\_Evidence.pdf](https://www.abacusdiagnostics.com/Collection_of_Evidence.pdf)>. Acesso em: 03 out. 2020. p. 226.

<sup>92</sup> MASSUDA, Thiago Y. C. Genética Forense. **Instituto Honorum**. 10h. 30.07.2020 a 01.08.2020. (curso online - informação verbal) e BUTLER, *op. cit.*, p. 91.

<sup>93</sup> A *coleta* envolve *prévio reconhecimento* de amostras biológicas como potenciais elementos de prova; *correto armazenamento*, em que o descuido ou ignorância dos procedimentos adequados pode resultar em uma amostra imprópria para análise; e *caracterização* de material biológico humano. A *extração* envolve várias técnicas, sendo as principais: orgânica fenol-clorofórmio, Chelex ou FTA/sólida, variando dependendo do tipo de amostra biológica. Esse momento pode ser o mais suscetível à contaminação no laboratório. A *quantificação* de DNA deve ser ideal para métodos PCR, não devendo ser muito ou pouco DNA, cuja concentração chama-se *normalização*. A *amplificação* envolve a cópia de várias regiões específicas, no qual marcadores fluorescentes são ligados à regiões do DNA que serão utilizadas na próxima fase. A *eletroforese* pode ser conduzida em uma placa de gel (agarose ou poliacrilamida), ou pode ser feita em um capilar, utilizado hoje na maioria dos laboratórios, pois permite automatizar as separações eletroforéticas e consome menos quantidade de amostra, embora o custo inicial seja maior. Atualmente, os métodos de coloração em prata (devido ao seu baixo custo) e as técnicas de fluorescência (permite automatização) são utilizados. A *análise* dos produtos é convertida em genótipo a partir da comparação do tamanho dos alelos de uma amostra com o tamanho dos alelos em escadas alélicas para os mesmos *loci* presentes nos kits. Os *cálculos* são realizados com base nos estudos de genética populacional. Cf. FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020. cap. 5, 6, 7, 8 e 9.; BUTLER, *op. cit.*, cap. 3, 4, 5, 6, 7, 9 e 10.

de números.<sup>94</sup> Portanto, um perfil genético pode ser entendido como o “conjunto de resultados obtidos a partir da análise de marcadores genéticos específicos de uma determinada amostra biológica.”<sup>95</sup> No âmbito criminal forense, perfis genéticos são comparados para verificar se são provenientes da mesma pessoa/fonte, processo conhecido como *exame de DNA*. Esse confronto se dá entre a *amostra questionada* (fonte desconhecida) e a *amostra de referência* (fonte conhecida), podendo ser assim exemplificado:



**Figura 7 - Exame Comparativo.** ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA. **Curso Básico Sobre o Banco de Perfis Genéticos e a Legislação Aplicada - 2020.X3.** 25.11.2020 a 28.02.2021. 50h. (curso online). Unidade 2.

Nessa comparação, três são os resultados possíveis. No caso dos marcadores STR (Y ou autossômicos), quando os resultados não permitirem concluir se as amostras correspondem, o resultado será *inconclusivo*. Havendo incompatibilidade entre os marcadores, haverá uma *exclusão*, sugerindo que as amostras analisadas não se originam da mesma fonte. Por fim, havendo compatibilidade entre todos os marcadores (*match* ou *hit*),<sup>96</sup> haverá uma *inclusão*, sugerindo que as amostras analisadas se originam da mesma fonte.<sup>97</sup> As coincidências envolvendo haplótipos do marcador Y-STR, por ser um marcador de linhagem, pode ser empregada para uma exclusão, mas nunca para uma inclusão.<sup>98</sup>

<sup>94</sup> Quanto mais *loci* foram examinados, menor é a probabilidade de um compartilhamento ao acaso de todos os *loci* entre indivíduos. Cf. *Ibidem*, p. 35-30; 205.

<sup>95</sup> BRASIL. RIBPG. **Manual De Procedimentos Operacionais Da RIBPG.** (versão 4) - Resolução nº 14. DOU 19.12.2019. Brasília, 2019. Disponível em: <<https://www.justica.gov.br/sua-seguranca/seguranca-publica/ribpg/manual>>. Acesso em: 12 dez. 2020.

<sup>96</sup> Os marcadores são analisados individualmente. Se o marcador um for compatível, se compara com o marcador dois, e assim por diante até ser comparado todos os marcadores estabelecidos pelo laboratório. Se algum marcador for incompatível, dispensa-se a análise dos demais marcadores. Cf. MASSUDA, Thiago Y. C. *Genética Forense. Instituto Honorum*. 10h. 30.07.2020 a 01.08.2020. (curso online - informação verbal).

<sup>97</sup> BUTLER, *op. cit.*, p. 221; 373.

<sup>98</sup> FRANCEZ, Pablo Abdon da Costa; RESQUE, Rafael Lima. Polimorfismos Y DNA. In: FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020. p. 337.

Para análise dos polimorfismos de mtDNA e dos SNPs, emprega-se a metodologia de sequenciamento de DNA.<sup>99</sup> Geralmente são utilizadas as seguintes diretrizes para comparações da linhagem materna: *inconclusivo*, se as amostras diferem em uma única posição; *exclusão* se as amostras diferem em duas ou mais posições de nucleotídeos (excluindo heteroplasmia de comprimento); e *inclusivo* se as amostras possuem a mesma sequência em cada posição de nucleotídeos.<sup>100</sup>

Havendo inclusão, faz-se necessária uma análise bioestatística para saber qual a probabilidade de que outra pessoa compartilhe o mesmo perfil genético. Em outras palavras, é preciso analisar se não houve uma correspondência aleatória, conforme os princípios de genética populacional. Portanto, mesmo no caso de marcadores STR autossômicos, o perfil genético não individualiza uma pessoa, mas apenas a categoriza, cuja frequência ou probabilidade deve ser calculada.<sup>101</sup> Com base nisso, pode-se concluir com uma certeza científica razoável de que uma determinada correspondência de perfis são provenientes da mesma pessoa.

Com os marcadores STR autossômicos, essa probabilidade pode ser estimada de acordo com a *regra do produto* ou com base na *razão de verossimilhança (likelihood ratio - LR)*.<sup>102</sup> Em ambos os casos, quanto mais raro for o perfil, menos provável será que uma correspondência seja fruto de uma mera coincidência ou maior será a razão de verossimilhança. Com relação aos marcadores de linhagem, as estatísticas de correspondência aleatória são feitas pelo *método*

<sup>99</sup> BONACCORSO, *op. cit.*, p. 38.

<sup>100</sup> SWGDAM. **Interpretation Guidelines for Mitochondrial DNA Analysis by Forensic DNA Testing Laboratories**. 23.04.2019. p. 1-26. Disponível em: <<https://www.swgdam.org/publications>>. Acesso em: 18 out. 2020. p. 15.

<sup>101</sup> AMORIM, António. Identificação genética através de análises de DNA. **Rev. Ciência Elem.** v. 7. 2019. Disponível em: <<http://doi.org/10.24927/rce2019.066>>. Acesso em: 20 out. 2020. p. 1-2.

<sup>102</sup> De acordo com a *regra do produto*, calcula-se a frequência de um determinado perfil genético na população ou em populações mais relevantes. Se cada *locus* é herdado independentemente dos outros *loci*, um cálculo da frequência de um perfil de DNA pode ser feito multiplicando a frequência do genótipo para cada *locus* e, em seguida, multiplicando a frequência de todos os *loci*. Para tanto, bancos de dados populacionais, contendo subconjuntos dos genótipos de grupos étnicos/raciais relevantes, são utilizados para encontrar a frequência de alelos alvos na população entre indivíduos não relacionados. O modelo utilizado para esse método é o equilíbrio de Hardy-Weinberg-HWE (independência de *locus*) e o equilíbrio de ligação (independência de *loci*). Uma segunda alternativa é calcular probabilidades gerais de correspondências, a partir dos dois alelos mais comuns para cada *locus*, com base na *razão de verossimilhança (likelihood ratio - LR)*. Significa a razão de probabilidade do mesmo evento, considerando duas proposições alternativas: (a) a amostra questionada é proveniente do suspeito (hipótese de acusação); e b) a amostra questionada é proveniente de outro indivíduo aleatório que não o suspeito (hipótese de defesa). Para tanto, utiliza-se tabelas de frequência alélica da população em estudo. A LR é a probabilidade de ocorrer a hipótese (a) dividida pela probabilidade sobre a hipótese (b). O resultado de LR determinará se é mais ou menos provável se considerarmos a hipótese “a” do que a “b”. Cf. BUTLER, *op. cit.*, cap. 11; CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA). **A avaliação do DNA...** *op. cit.*, p. 146-147; ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA, *op. cit.*, unidade 1.

de contagem. Como esses marcadores não são misturados a cada geração, não são tão eficazes na diferenciação entre os indivíduos, fornecendo baixo poder discriminatório.<sup>103</sup>

De acordo com essa ciência (forense), o perfil genético se tornou um dos três métodos primários e mais confiáveis de identificação humana, ao lado da papiloscopia e da arcada dentária, possuindo inúmeras *vantagens* para a ciência forense.<sup>104</sup> Em termos probatórios, elementos biológicas podem, de maneira independente e mais objetiva – ainda que sujeita a erros – identificar ou excluir um suspeito, refutar um álibi ou alegação de legítima defesa, refutar um reconhecimento por parte de vítimas e/ou testemunhas, desenvolver pistas investigativas importantes (como correlacionar o instrumento lesivo à vítima/suspeito) ou revisar uma condenação.<sup>105</sup>

A estabilidade do DNA permitiu a reabertura de inúmeros casos arquivados sem solução, os chamados *cold cases*, ocorridos há mais de uma década, vindo a solucioná-los.<sup>106</sup> Também permitiu – e ainda vem permitindo – a revisão de condenações injustas de casos anteriores à era do DNA. Essa estabilidade, podendo produzir resultados confiáveis, levou muitas legislações a aumentarem o prazo prescricional ou mesmo a abolir a prescrição para alguns crimes.<sup>107</sup> Por outro lado, a mesma preocupação não foi aplicada ao acesso e uso de testes de DNA pós-condenação,<sup>108</sup> em razão do impacto – negativo – que esse fácil acesso causaria ao sistema de justiça criminal e, conseqüentemente, à sua própria credibilidade.

No quesito tecnologia, o DNA pode ser extraído de qualquer parte do corpo humano, bem como ser isolado e analisado de uma ampla variedade de materiais.<sup>109</sup> Hoje, é possível

<sup>103</sup> O número de vezes em que o haplótipo (sequência) de interesse é observado se divide pelo número total de haplótipos em um banco de dados de referência. Em outras palavras, envolve o número de vezes em que um determinado haplótipo é visto em um banco de dados forense. O tamanho do banco de dados utilizado para o método de contagem faz diferença ao tentar estimar a raridade de um perfil Y-STR ou mtDNA. Regiões de sítios polimórficos adicionais ajudam a melhorar a estimativa de frequência. Cf. BUTLER, *op. cit.*, p. 363; 373; 381.

<sup>104</sup> Segundo protocolo da Interpol, essas são as três formas primárias de identificação. Cf. INTERPOL. **Disaster Victim Identification Guide**. 2018. Disponível em: <<https://www.interpol.int/How-we-work/Forensics/Disaster-Victim-Identification-DVI>>. Acesso em: 13 dez. 2020.

<sup>105</sup> LEE; LADD, *op. cit.*, p. 225; SANTOS, Anderson Eduardo dos. As principais linhas da biologia forense e como auxiliam na resolução de crimes. **Rev. Bras. Crimin.** v. 7. n. 3. p. 12-20. 2018. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.15260/rbc.v7i3.190>>. Acesso em: 8 nov. 2020.

<sup>106</sup> CAGLIÀ, Alessandra; STEFANONI, Patrizia; LA ROSA, A. Cold cases: New technologies for DNA analysis allow the reopening and solution of unsolved cases. **FSI: Genetics Supplement Series**. v. 3. p. e-230-231. 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2011.09.001>>. Acesso em: 8 nov. 2020.

<sup>107</sup> NATIONAL INSTITUTE OF JUSTICE (NIJ) et al. **Using DNA to Solve Cold Cases**: Special Report. 2002. p. 15.

<sup>108</sup> INNOCENCE PROJECT. **Access to Post-Conviction DNA Testing**. Disponível em: <<https://innocenceproject.org/>>. Acesso em: 13 nov. 2020.

<sup>109</sup> O RCMP Forensic Laboratory Services, Canadá, apresentou uma lista de mais de 100 materiais de exibição incomum que produziram perfis de DNA bem-sucedidos usando tipagem PCR ST. Cf. KUPERUS, W. R. et al. Crime scene links through DNA evidence: The practical experience from Saskatchewan casework. **Canadian Society of Forensic Science Journal**. v. 36. p. 19-28. 2003. Disponível em: <<https://doi.org/10.1080/00085030.2003.10757553>>. Acesso em: 03 out. 2020.

extrair DNA inclusive de superfícies, conhecido como “DNA de toque”, embora variáveis afetam a deposição do DNA.<sup>110</sup> Uma vez que o DNA está contido em todas as células do organismo vivo (com exceção dos glóbulos vermelhos), não se altera a depender do tecido analisado e não se altera em razão do tempo.<sup>111</sup>

As moléculas de DNA também são incrivelmente duráveis e podem produzir resultados de tipagem ainda quando submetidas a condições extremas, como irradiação, com temperatura em até 100°C. A coleta pode ser obtida facilmente com o uso de *swab bucal*, não necessitando envolver profissionais da saúde. O custo, embora ainda permaneça alto, também vem sendo cada vez mais reduzido, atualmente em torno de R\$100,00-R\$200,00 por amostra.<sup>112</sup>

Por outro lado, os vestígios biológicos de interesse forense também apresentam *limitações*, em especial, em termos de integridade, ainda que todos os cuidados sejam tomados. Dependendo das circunstâncias e condições, o material biológico pode estar degradado em diferentes graus, o que pode ocorrer por processos abióticos, sobretudo em ambientes úmidos, agentes químicos e/ou físicos ou contaminações bacterianas, por exemplo. Também pode apresentar baixa concentração de DNA (pouca quantidade), seja porque o material originário é exíguo ou porque já sofreu parcial degradação.<sup>113</sup>

Para fins de investigação criminal, vestígios depositados na vítima e no suspeito precisam ser coletados o quanto antes possível, uma vez que se deterioram rapidamente. O prazo recomendado para coleta de materiais de áreas anatômicas pode variar de seis horas (cavidade oral) até nove dias (fluido vaginal), embora, para aumentar o sucesso, a recuperação deva ser concluída nas primeiras horas após os fatos.<sup>114</sup> Em razão desses fatores, ainda é preciso desenvolver ferramentas cada vez mais sensíveis, a fim de superar essas limitações.<sup>115</sup> Não é incomum obter apenas um perfil genético parcial em cenas de crime, reduzindo também o poder de discriminação em razão da pequena quantidade de *loci* disponíveis para se comparar.<sup>116</sup>

Em termos probatórios, os exames de DNA não são um fator preponderante para a condenação como qualquer prova pericial, não tendo o condão de provar, por si só, a culpa ou

<sup>110</sup> VAN OORSCHOT, Roland; JONES, Maxwell. DNA fingerprints from fingerprints. **Nature**. v. 387. p. 767. 1997. <<https://doi.org/10.1038/42838>>. Acesso em: 22 dez. 2020.

<sup>111</sup> BUTLER, *op. cit.*, p. 79-80.

<sup>112</sup> ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA, *op. cit.*, unidade 1; SANTOS, *op. cit.*, p. 12-20.

<sup>113</sup> CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA). **A avaliação do DNA...** *op. cit.*, p. 96-98; FILHO; GARRIDO; CÂNDIDO, *op. cit.*, p. 46.

<sup>114</sup> GONZÁLEZ, Benito Ramos. et al. Biological Evidence Analysis in Cases of Sexual Assault. In: BOLDURA, Oana-Maria. (Org.). **Biochemical Analysis Tools: Methods for Bio-Molecules Studies**. IntechOpen, 2020. p. 1-25. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.5772/intechopen.82164>>. Acesso em: 20 dez. 2020.

<sup>115</sup> MASSUDA, Thiago Y. C. Genética Forense. **Instituto Honorum**. 10h. 30.07.2020 a 01.08.2020. (curso online - informação verbal).

<sup>116</sup> BUTLER, *op. cit.*, p. 216.



a inocência de um indivíduo.<sup>117</sup> Essas técnicas podem estabelecer a ligação entre uma pessoa e o fato criminoso,<sup>118</sup> isto é, a *quem* pertence o material genético deixado no local do crime ou na vítima. Entretanto, a responsabilidade criminal demanda outros elementos probatórios que permitam demonstrar *quando* (antes, durante ou depois) ou *como* (por transferência direta ou indireta) o material foi deixado na cena do crime. Por isso, as técnicas tradicionais de investigação, entre outros elementos probatórios, desempenham um papel fundamental na resolução de um fato criminal.<sup>119</sup>

Inúmeros também são os *desafios* da tecnologia de DNA forense, a começar pelo local de crime, onde, na maioria das vezes, nasce o vestígio biológico. Não sendo uma particularidade do Brasil, a falta de preservação, isolamento e de gerenciamento do local como um todo, podem tornar os avanços tecnológicos e científicos atualmente disponíveis praticamente inúteis, seja destruindo um potencial elemento de prova ou adicionando elementos que antes inexistiam.<sup>120</sup> Esses elementos podem ser adicionados de forma voluntária ou involuntária em uma cena de crime, direcionando os investigadores em pistas falsas.

Há um consenso na comunidade científica de que o DNA pode ser transferido por meio de várias etapas, se estiver em contato com novas superfícies. No entanto, estudos demonstram as possibilidades de se obter um perfil genético que não está diretamente relacionado ao crime, mas é resultado de uma contaminação pelos investigadores, equipe de laboratório ou qualquer pessoa estranha, decorrente de transferência secundária.<sup>121</sup> A contaminação com material

<sup>117</sup> BUTLER, *op. cit.*, p. 251; KASHYAP, *op. cit.*, p. 15.

<sup>118</sup> KASHYAP, *op. cit.*, p. 15.

<sup>119</sup> FONNELOP, Ane Elida et al. Contamination during criminal investigation: Detecting police contamination and secondary DNA transfer from evidence bags. **FSI: Genetics**. v. 23. p. 121-129. 2016. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2016.04.003>>. Acesso em: 8 nov. 2020. p. 121

<sup>120</sup> Segundo Henry Lee e Eliane Pagliaro, antes mesmo da coleta de potenciais materiais físicos, isto é, o ponto de partida de uma investigação científica da cena do crime exige abordagens dinâmicas (sistemática, metódica e lógica), por meio do levantamento e análise da cena do crime (determinação do local e sequência adequada dos eventos) para estabelecer o que, quando, onde, como, por que aconteceu e quem estava envolvido. É a partir dessa resposta inicial que os materiais físicos relevantes podem ser identificados e localizados, excluindo materiais supérfluos. É importante não apenas o que, mas onde procurar provas cruciais. Uma prática comum é coletar tudo, gerando perda de tempo e recursos, sobrecarga dos laboratórios, além de problemas legais, técnicos e investigativos com coletas de materiais sem valor probatório e com potencial de gerar pistas falsas. Além disso, materiais valiosos podem ser negligenciados em razão do esforço em provar uma hipótese ou vincular a cena a um suspeito específico. Após a coleta, análise e processamento dos elementos de provas, com os resultados, o investigador será capaz de reconstruir com mais precisão a cena de um crime. *Cf.* LEE; PAGLIARO, *op. cit.*, p. 5; MASSUDA, Thiago Y. C. Genética Forense. **Instituto Honorum**. 10h. 30.07.2020 a 01.08.2020. (curso online - informação verbal).

<sup>121</sup> Sobre isso, ver: GORAY, Mariya; MITCHELL, R. John; VAN OORSCHOT, Roland AH. Investigation of secondary DNA transfer of skin cells under controlled test conditions. **Legal medicine**. v. 12. p. 117-120. 2010.; FONNELOP, Ane Elida; EGELAND, Thore; GILL, Peter. Secondary and subsequent DNA transfer during criminal investigation. **FSI: Genetics**. v. 17. p. 155-162. 2015.; LOWE, Alex et al. The propensity of individuals to deposit DNA and secondary transfer of low level DNA from individuals to inert surfaces. **FSI**. v. 129. p. 25-34. 2002.

humano é mais preocupante, pois a substância contaminante pode ser oriunda de investigadores, peritos, do próprio suspeito ou qualquer pessoa estranha.<sup>122</sup>

Outros obstáculos comuns são inerentes à genética forense. Artefatos relacionados à biologia (como produtos *Stutter*, adição incompleta de nucleotídeos etc.) e tecnologia (como manchas de corante etc.) são problemas cotidianos enfrentados no processamento dos testes de DNA.<sup>123</sup> Misturas de múltiplas origens são até esperadas, principalmente nos crimes sexuais ou de amostras com baixo molde, como “DNA de toque”, cuja técnica de análise atual (protocolo de extração diferencial) ainda se mostra ineficaz.<sup>124</sup> Nos últimos anos, houve um aumento da sensibilidade dos sistemas utilizados em análises forenses, o que ajudou a fornecer resultados melhores com amostras complexas. Por outro lado, essa sensibilidade aumenta, proporcionalmente, o risco de contaminação e de erros na interpretação dos resultados.<sup>125</sup>

Como em qualquer atividade humana, riscos de erros ocorrem durante todo o estágio do processo de obtenção de um perfil genético, desde a coleta em campo até a interpretação dos resultados,<sup>126</sup> afetando o potencial de seus eventuais efeitos. Por conseguinte, não é uma técnica infalível. A consequência mais preocupante é a ocorrência de falsos positivos e/ou negativos, podendo induzir a erro os atores que compõem os processos judiciais.<sup>127</sup>

É imperativo, portanto, a observância da cadeia de custódia das amostras biológicas, mantendo *registros que documentem*, cronologicamente, toda a sua posse e manuseio, desde o seu reconhecimento no local do crime até o seu descarte final,<sup>128</sup> a fim de permitir a sua *rastreabilidade*. Consequentemente, assegura-se a *integridade* e, nesse sentido, a confiabilidade desses elementos de prova pelo Poder Judiciário ao admiti-los em um eventual elenco probatório. Sem a quebra da cadeia de custódia, garante-se que as devidas precauções foram tomadas para prevenir adulterações, erros ou contaminações das amostras.<sup>129</sup>

<sup>122</sup> CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA). *A avaliação do DNA...op. cit.*, p. 96-97.

<sup>123</sup> BUTLER, *op. cit.*, p. 218.

<sup>124</sup> GONZÁLEZ, *op. cit.*, p. 7; 17.

<sup>125</sup> BUTLER, John M. The future of forensic DNA analysis. **Philosophical transactions of the royal society B: biological sciences**. v. 370. p. 1-10. 2015. Disponível em: <<https://doi.org/10.1098/rstb.2014.0252>>. Acesso em: 8 nov. 2020. p. 5.

<sup>126</sup> CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA). *A avaliação do DNA...op. cit.*, p. 87-102.

<sup>127</sup> Segundo Henry Lee, como um perfil de DNA de múltiplos *loci* são raros, a contaminação levará, normalmente, a falsas exclusões ou misturas artificiais sem maiores consequências, em vez de falsas inclusões, isto é, normalmente não inclui o suspeito. O caso O.J. Simpson (EUA), no qual mais de 100 amostras biológicas foram analisadas, e no qual a defesa levantou dúvidas razoáveis de contaminações, pode demonstrar essa possibilidade, ainda que pouco provável, na observação de Henry Lee. *Cf.* LEE; LADD, *op. cit.*, p. 226.

<sup>128</sup> Art. 6, 158-A, *caput* e §1º, e 169, *caput*, do Código de Processo Penal Brasileiro.

<sup>129</sup> FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. Cadeia de custódia: do local de crime ao trânsito em julgado; do vestígio à evidência. **Revista dos Tribunais**. ano. 98. v. 883, p. 436-451, 2009. p. 444-446.; BONACCORSO, Norma Sueli. **Aplicação do exame de DNA na elucidação de crimes**. 2005. Dissertação (Mestrado em Direito Penal) - Faculdade de Direito, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2005. doi:10.11606/D.2.2005.tde-15092010-145947. Acesso em: 27 set. 2020. p. 53-55.

Além disso, laboratórios forenses necessitam utilizar padrões rígidos de controle de qualidade (CQ) e de garantia de qualidade (GQ), traduzindo-se em boas práticas de biossegurança. O CQ “diz respeito a medidas tomadas para assegurar que o produto, neste caso o resultado da tipagem do DNA e sua interpretação, satisfaça a padrões específicos de qualidade.” No que se refere à GQ, são “medidas tomadas por um laboratório para monitorar, verificar e documentar seu desempenho.” Em outras palavras, são padrões de procedimentos que possibilitam resultados confiáveis, reprodutíveis e exatos.<sup>130</sup>

Como o exame de DNA, por sua própria natureza, é sempre comparativo, pode ser realizado de forma direta entre a amostra questionada (vestígio biológico) e a amostra de referência (suspeito conhecido) quando a investigação aponta um suspeito, os chamados *casos fechados*. Mas quando não se tem suspeitos, os chamados *casos abertos*, um banco de dados contendo perfis genéticos de uma população (amostras de referência) foi uma solução encontrada para potencializar a utilidade dos vestígios biológicos, a fim de que um suspeito seja identificado, a despeito das limitações e desafios que a prova genética ainda enfrenta.

---

<sup>130</sup> CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA). **A avaliação do DNA...***op. cit.*, p. 87-102. Na prática forense, essa padronização acaba sendo dificultada devido à natureza e condições das amostras, as quais demandam diferentes técnicas. Cf. POMBO, Ana Maria Lima; FRACEZ, Pablo Abdon da Costa; SILVA, R.S. Risco de contaminação por DNA de alto peso molecular e por *amplicons* em Laboratório de Genética Forense no Brasil. **Rev. Bras. Crimin.** v. 9, n. 2, p. 85-94. 2020. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.15260/rbc.v9i2.245>>. Acesso em: 8 nov. 2020.



## 2. BANCO DE PERFIS GENÉTICOS PARA FINS CRIMINAIS

---

A Academia Nacional de Polícia (ANP) classifica os bancos genéticos pelo seu *conteúdo* ou pela sua *finalidade*. Pelo conteúdo, os bancos de dados podem ser subclassificados em: (a) identificação genética (sistemas informatizados contendo perfil genético); (b) arquivos de amostras biológicas e (c) arquivos de DNA. Os dois últimos são chamados de *biobancos* e guardam fisicamente a amostra biológica em sistemas de conservação adequado para fins de pesquisa, estudo ou conservação. Segundo sua finalidade, podem ser subclassificados em: (a) profissional, quando a atividade impõe essa necessidade (como o material biológico de militares); (b) forense, para fins de identificação de indivíduos, subdivididos em criminais (identificação de suspeitos) e civis (identificação de vítimas e/ou pessoas desaparecidas); e (c) gerais, para fins de pesquisa, buscas genealógicas etc.<sup>131</sup>

Nesta pesquisa, os bancos de perfis genéticos para fins criminais se referem a sistemas informatizados, contendo apenas dados alfanuméricos, logo, são bancos de dados de identificação genética para fins forenses criminais.<sup>132</sup> Se as amostras biológicas que deram origem ao perfil genético também são armazenadas e conservadas em laboratórios, criam-se verdadeiros arquivos de amostras biológicas (*biobancos*) que se formam de maneira paralela aos bancos informatizados.<sup>133</sup>

### 2.1 As Promessas de uma Tecnologia em Ascensão

O início dos bancos de perfis genéticos para fins criminais se confunde com a primeira tipagem do DNA para fins forenses no caso de *Narborough*, Inglaterra, 1986, descrito anteriormente, mas utilizado informalmente e de forma *ad hoc*. Após o uso dessa técnica na Inglaterra, o estado da Virgínia, Estados Unidos, em 1989, criou legalmente o primeiro banco de perfis genéticos, em âmbito estadual, de caráter compulsório.<sup>134</sup> Até o fim desse mesmo ano, pelo menos 17 estados dos EUA já haviam aprovado ou estavam considerando a criação de bancos de perfis genéticos, compostos por marcadores VNTR.<sup>135</sup>

---

<sup>131</sup> ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA, *op. cit.*, unidade 2.

<sup>132</sup> ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA, *op. cit.*, unidade 2.

<sup>133</sup> SAUTHIER, Rafael. **A identificação e a investigação criminal genética à luz dos direitos fundamentais e da Lei 12.654/12**. 1 ed. Curitiba: CRV, 2015. p. 91.

<sup>134</sup> JACQUES, Guilherme Silveira; ARANHA, Tatiana H. C. Bancos de Perfis Genéticos. In: FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020. p. 259.

<sup>135</sup> U.S. CONGRESS. Office of Technology Assessment. **Genetic Witness: Forensic Uses of DNA Tests**. July 1990. OTA-BA-438. Washington, DC: U.S. Government Printing Office. Disponível em: <<https://www.princeton.edu/~ota/disk2/1990/9021/9021.PDF>>. Acesso em: 24 out. 2020.

O primeiro banco de perfis genéticos em âmbito nacional apenas foi estabelecido em 10 abril de 1995, no Reino Unido, o *United Kingdom National DNA Database* – NDNAD, lançado pelo *Home Office* e inicialmente gerido pelo *Forensic Science Service* – FSS, com marcadores STR. Sua criação teve início em 1994, com a publicação do *Criminal Justice and Public Order Act*. Atualmente, o NDNAD (UK) é a terceira maior base de dados genéticos do mundo, contendo mais de seis milhões de registros de perfis de indivíduos (dos quais aproximadamente 14,7% são duplicados) e mais de seiscentos mil registros de perfis oriundos de vestígios.<sup>136</sup>

Na mesma época, nos EUA, o *DNA Identification Act* de 1994 autorizou o FBI a criar o *National DNA Index System* – NDIS, o banco de perfis genéticos em âmbito nacional. O sistema *Combined DNA Index System* – CODIS é o *software* utilizado para permitir a troca e compartilhamento de perfis genéticos eletronicamente entre as bases nacional (NDIS), estaduais (SDIS) e locais (LDIS). A primeira versão do CODIS tornou-se operacional em outubro de 1998. Mais de 50 países, incluindo o Brasil, utilizam esse sistema para suas próprias iniciativas, o qual pode ser obtido mediante acordo com o FBI.<sup>137</sup> O NDIS contém, atualmente, mais de dezoito milhões de perfis de referência e cerca de um milhão de perfis de vestígios.<sup>138</sup>

De forma subsequente, várias nações começaram a implantar bancos de perfis genéticos, como Holanda e Áustria (1997), Alemanha, Nova Zelândia e Panamá (1998), Canadá (2000), Austrália e China (2003) etc. Atualmente, pelo menos 70 países utilizam esses bancos, de acordo com a pesquisa global de perfil de DNA da Interpol.<sup>139</sup> Dentre esses países, a China possui o maior banco de perfis genéticos atualmente, contendo, ao menos, 68 milhões de perfis armazenados.<sup>140</sup> Nos países latino-americanos, ao menos nove, incluindo o Brasil, possuem essa ferramenta.<sup>141</sup> Com a expansão dos bancos de perfis genéticos, avanços tecnológicos

<sup>136</sup> Dados disponíveis até março de 2020. Cf. GOV. UK. Home Office. **National DNA Database Strategy Board Biennial Report 2018 – 2020**. London, September, 2020. Disponível em: <<https://www.gov.uk/government/collections/dna-database-documents#reports>>. Acesso em: 05 jan. 2020.

<sup>137</sup> Não há conexão, por si só, entre os países que utilizam o sistema CODIS. Cf. ESTADOS UNIDOS. **FBI. Combined DNA Index System (CODIS)**. Disponível em: <<https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis>>. Acesso em: 24 out. 2020.

<sup>138</sup> Dados disponíveis até janeiro de 2021. Cf. ESTADOS UNIDOS. **CODIS - Estatísticas NDIS**. Disponível em: <<https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis/ndis-statistics>>. Acesso em: 24 out. 2020.

<sup>139</sup> Informação atualizada até 2019, fornecidas pelos *National Central Bureaus (BCNs)* de 130 países dos 194 países membros. Cf. INTERPOL. **Global DNA Profiling Survey Results 2019**. Disponível em: <<https://www.interpol.int/How-we-work/Forensics/DNA>>. Acesso em: 24 out. 2020. p. 5.

<sup>140</sup> Informação atualizada até 2017. Cf. DNAREcource. **Global Resources**. Sem data. Disponível em: <<http://www.dnarecource.com/resources.html>>. Acesso em: 12 fev. 2020.

<sup>141</sup> A implantação dos bancos de perfis genéticos e a respectiva legislação na América Latina é mais recente, com a maioria sendo estabelecida nos últimos 10 anos. Cf. SILVA JUNIOR, Ronaldo Carneiro da et al. Development of DNA databases in Latin America. **Forensic Science International**. v. 316. p. 1-13. 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2020.110540>>. Acesso em: 6 jan. 2021. p. 3.

possibilitaram a criação de redes, não apenas nacionais, mas também internacionais de compartilhamento de informações sobre dados genéticos.

A maior facilidade no cometimento de crimes além das fronteiras em virtude da globalização e dos avanços tecnológicos exigiu, no mesmo ritmo, o aprimoramento de ferramentas de combate ao crime. Com essa premissa, a Interpol lançou seu banco de dados global de perfis genéticos em 2002, denominado *DNA Gateway*, que permite o compartilhamento dessas informações entre os seus países membros. O objetivo dessa unidade é “fornecer apoio estratégico e técnico para aumentar a capacidade de criação de perfis de DNA dos Estados membros e promover seu uso generalizado no ambiente internacional de aplicação da lei.” Desde então, o *Monitoring Expert Group* (MEG) vem promovendo proativamente e as autoridades dos países membros a implementar ou expandir bancos de perfis genéticos nacionais.<sup>142</sup>

Um processo político também foi iniciado entre sete países europeus, nomeadamente Bélgica, Alemanha, Espanha, França, Luxemburgo, Holanda e Áustria, para estabelecer uma base legal de intercâmbio de perfis genéticos. Desse processo, resultou o *Tratado de Prüm*, multilateral, assinado em maio de 2005, na Alemanha, com o objetivo de intensificar a cooperação transfronteiriça, em particular na luta contra o terrorismo, a criminalidade internacional e a migração ilegal com mais eficácia. Em 23 de Junho de 2008, o Conselho da União Europeia (UE) adotou o *Tratado de Prüm* e as respectivas regras de execução para aplicá-las ao nível da União.<sup>143</sup>

A proposta de compartilhamento de dados em âmbito nacional e internacional resultou em um esforço contínuo de padronização dos marcadores utilizados nos bancos de perfis genéticos em todo o mundo. Para tanto, marcadores STRs, localizados em regiões não codificantes do DNA, foram escolhidos para essa função.<sup>144</sup> Na atualidade, entre, aproximadamente, sete e vinte desses marcadores, mais ou menos comuns, alimentam todos os

---

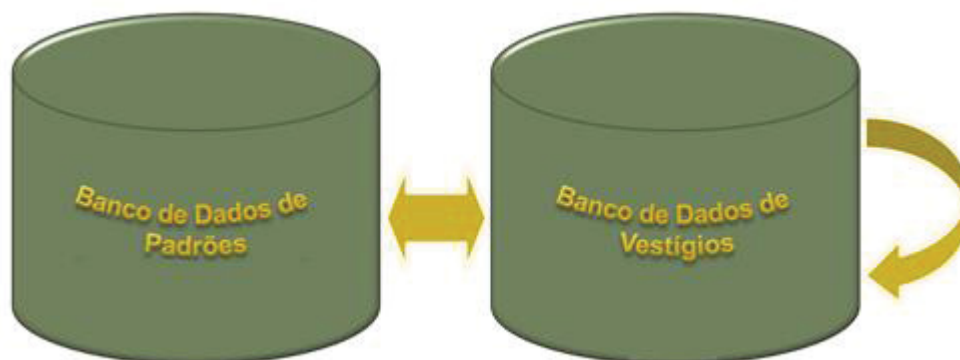
<sup>142</sup> Essa base foi criada pela unidade *INTERPOL DNA*, estabelecida na Secretaria-Geral em Lyon, em março de 2000, por meio da aprovação da Resolução 8 da 67ª Assembleia Geral, para promover a cooperação internacional sobre o uso de DNA em investigações criminais. Atualmente, o *DNA Gateway* contém mais de 242.000 perfis de criminosos, vestígios, pessoas desaparecidas e restos mortais não identificados, fornecidos por 85 países, incluindo o Brasil. Cf. INTERPOL. **Interpol handbook on DNA data exchange and practice: recommendations from the Interpol DNA monitoring expert group**. 2 ed. 2009. p. 5-9.; INTERPOL. **DNA**. Disponível em: <<https://www.interpol.int/How-we-work/Forensics/DNA>>. Acesso em: 15 nov. 2020.

<sup>143</sup> A previsão para que todos os Estados-Membros implementassem a Decisão de *Prüm* era até a primavera de 2019. Cf. EUR-Lex. Access to European Union Law. **Aprofundamento da cooperação transfronteiras (Decisão Prüm)**. 04.04.2020. Disponível em: <<https://eur-lex.europa.eu/legal-content/PT/TXT/?uri=LEGISSUM%3Ajl0005>>. Acesso em: 03.12.2020.

<sup>144</sup> Essas regiões aparentemente ‘neutras’ estão em consonância com a Declaração Internacional sobre os Dados Genéticos Humanos, a Declaração Universal sobre o Genoma Humano e os Direitos Humanos e a Declaração Universal sobre Bioética e Direitos Humanos.

bancos de perfis genéticos, de modo a viabilizar o compartilhamento de informações. Os marcadores genéticos utilizados entre os principais *softwares* de armazenamento podem ser conferidos no apêndice A.

Para as atender às finalidades forenses no âmbito criminal, dois índices, referentes a indivíduos e vestígios, são necessários:



**Figura 8 - Oportunidades ao pesquisar em um banco de dados de DNA.** Fonte: adaptado de ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA. Curso Básico Sobre o Banco de Perfis Genéticos e a Legislação Aplicada - 2020.X3. 25.11.2020 a 28.02.2021. 50h. (curso online). Unidade 2.

Os bancos de perfis genéticos para fins criminais criam oportunidades de vincular indivíduos a cenas de crimes, de forma direta (abordagem convencional) ou indiretamente por meio de um parente próximo (*pesquisa familiar*). O objetivo é identificar possíveis suspeitos, confrontando as informações entre o banco de padrões (doravante *perfis de referência*)<sup>145</sup> e o banco de vestígios biológicos (doravante *perfis forenses*). Podem, ainda, vincular diferentes cenas de crimes ou vincular indiretamente um indivíduo a essas cenas apenas por meio do confronto entre si das informações inseridas no banco de vestígios biológicos.<sup>146</sup> Essa ferramenta possibilita a busca e o confronto automatizado de perfis genéticos.<sup>147</sup>

De acordo com a Interpol, a criação de um banco nacional de perfis genéticos para fins criminais tem como fim contribuir positivamente com a justiça criminal, aumentando a capacidade de *solucionar* crimes (futuros ou passados) que, de outra forma, seriam insolúveis, além da finalidade de *prevenir* crimes.<sup>148</sup> Logo, afirma-se que pode ser utilizada como estratégia de *policimento genético*.<sup>149</sup> De acordo com esses propósitos, um banco de dados

<sup>145</sup> Um banco de perfis de referência também confere a possibilidade de identificar uma pessoa que faz uso de diferentes identidades quando ocorre uma duplicidade de perfis genéticos.

<sup>146</sup> INTERPOL *op. cit.*, p. 3.

<sup>147</sup> CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA), *op. cit.*, p. 118; 126.

<sup>148</sup> INTERPOL, *op. cit.*, p. 2.

<sup>149</sup> CARVALHO, Nígela Rodrigues. **Genética Forense na Elucidação de Crimes Sexuais**: o policiamento por meio dos bancos de perfis genéticos. Dialética: Belo Horizonte, 2020. p. 59-63.

como esse apenas se justifica se ele contém perfis genéticos de indivíduos com alta tendência a reincidir,<sup>150</sup> os *reincidentes crônicos*.

Os propósitos que justificam a criação desses bancos de perfis genéticos podem ser classificados em diretos e indiretos. De forma direta, os bancos de perfis genéticos podem auxiliar uma investigação criminal com a elucidação de crimes em série, crimes sem suspeitos, crimes antigos, presentes e crimes futuros, crimes interestaduais e internacionais, fornecendo pistas sobre a autoria e/ou participação de um crime em investigação.<sup>151</sup> É uma ferramenta que permite identificar potenciais suspeitos ou excluí-los, bem como identificar um *modus operandi* (forma de atuação, dias/horários, locais, características das vítimas etc.) ou exonerar pessoas condenadas erroneamente.<sup>152</sup>

Indiretamente, a redução ou prevenção de crimes futuros está associada ao aumento na resolução de crimes e, conseqüentemente, ao aumento das prisões, evitando o cometimento de crimes adicionais,<sup>153</sup> um efeito incapacitante. Ao mesmo tempo, essas punições podem significar uma mudança de comportamento, na medida em que há uma redução do sentimento de impunidade. Trata-se da teoria de que o conhecimento do armazenamento de seu perfil genético aumenta a percepção da certeza, rapidez e severidade da punição, caso se opte por cometer novos crimes. Logo, provavelmente responderá reduzindo sua taxa de reincidência,<sup>154</sup> um efeito dissuasivo.<sup>155</sup>

Na maioria dos países, os dados genéticos do indivíduo são dissociados de seus dados pessoais. Em tais casos, os bancos retêm quatro informações sobre cada perfil genético: códigos identificadores do laboratório de origem, da amostra, do analista responsável por aquele perfil e o próprio perfil (STR). As informações pessoais relativas ao doador da amostra ficam sob a responsabilidade do laboratório forense de origem. Assim, quando uma correspondência é

<sup>150</sup> CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA), *op. cit.*, p. 126.

<sup>151</sup> ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA, *op. cit.*, unidade 2.

<sup>152</sup> INTERPOL, *op. cit.*, p. 2.

<sup>153</sup> BIEBER, Frederick R. Turning Base Hits into Earned Runs: Improving the Effectiveness of Forensic DNA Data Bank Programs. **The Journal of Law, Medicine & Ethics**. v. 34. p. 222-233. 2006. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1748-720X.2006.00029.x>>. Acesso em: 26 dez. 2020. p. 229-230.

<sup>154</sup> O termo reincidência criminal pode se referir a fenômenos distintos. Elionaldo Julião sugeriu diferenciar quatro tipos de reincidência: a) *reincidência genérica*; refere-se apenas à prática de um novo ato criminal; b) *reincidência legal*; refere-se à prática de um novo ato criminal após cinco anos o cumprimento ou extinção da pena anterior; c) *reincidência penitenciária*; é o retorno ao sistema penitenciário para cumprir nova sanção penal; *reincidência criminal*; é quanto há mais de uma condenação, independente de prazo. Cf. JULIÃO, Elionaldo F. **Ressocialização através da educação e do trabalho no Sistema Penitenciário Brasileiro**. Tese (Doutorado) em Ciências Sociais – Universidade do Estado do Rio de Janeiro, UERJ. Orientador: José Ignácio Cano Gestoso. 2009. p. 87.

<sup>155</sup> BHATI, Avinash.; ROMAN, Catherina G. Evaluating and Quantifying the Specific Deterrent Effects of DNA Databases. **Evaluation Review**. v. 38. p. 68-93. 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/0193841X14531415>>. Acesso em: 25 dez. 2021. p. 70.

identificada e confirmada, os laboratórios responsáveis pelos perfis correspondentes notificam os investigadores, reportando maiores informações.<sup>156</sup>

Como geralmente não há nomes associados aos perfis STR, informações pessoais, histórico criminal ou informações relacionadas ao caso, John Butler, se referindo ao *software* CODIS (FBI), assevera que não se trata de um banco de dados de informações de antecedentes criminais.<sup>157</sup> As informações pessoais ficam mantidas em uma base de dados separada e incomunicável com o *banco de referência*.<sup>158</sup> No entanto, um país pode optar por não dissociar as informações genéticas dos dados pessoais, a exemplo do Reino Unido,<sup>159</sup> que compila dados sobre sexo, etnia/raça e idade no NDNAD. Portanto, depende da regulamentação jurídica de cada local sobre quais informações serão mantidas nos bancos de perfis genéticos.

O banco de referências contém perfis genéticos de pessoas suspeitas e/ou condenadas por crimes ou contravenções penais (específicos ou todos legalmente previstos) e, em alguns casos, perfis de vítimas, a variar de acordo com o enquadramento legislativo nacional de cada país. Inicialmente, os bancos de perfis genéticos foram pensados para investigar crimes que envolvem violência, como os crimes sexuais e homicídios, considerando sua possível utilidade. Mas durante as duas últimas décadas, os crimes patrimoniais, como roubo e furto, vêm obtendo também certo destaque com essa tecnologia.<sup>160</sup>

Inúmeras são as implicações discutidas em âmbito internacional em termos de direitos fundamentais, bioéticos, sociais, biotecnológicos, econômicos e políticos envolvidos na adoção dessa tecnologia. Temas de diversas naturezas, como dignidade da pessoa humana, intimidade, privacidade, integridade física, presunção de inocência, autoincriminação, direito ao esquecimento, autodeterminação corporal e informacional, confidencialidade, consentimento informado, discriminação, estigmatização, seletividade, eugenia social, marcadores informativos, controle genético, gestão dos dados, custo-benefício, interesses corporativos etc. são debatidos. Diante disso, diversos países se mobilizam no sentido de avaliar o impacto das aplicações desse novo instrumento biotecnológico para, então, regulamentá-los.<sup>161</sup>

<sup>156</sup> Essas são as informações contidas no sistema CODIS. Cf. BUTLER, *op. cit.*, p. 270-271; ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA, *op. cit.*, unidade 2.

<sup>157</sup> Essas são as informações contidas no sistema CODIS. Cf. BUTLER, *op. cit.*, p. 270-271.

<sup>158</sup> SAUTHIER, *op. cit.*, p. 82.

<sup>159</sup> GOV. UK. Home Office. **National DNA Database documents**. London, September, 2020. Disponível em: <<https://www.gov.uk/government/collections/dna-database-documents#reports>>. Acesso em: 05 jan. 2020.

<sup>160</sup> NATIONAL INSTITUTE OF JUSTICE (NIJ) et al. *op. cit.*, p. 4.

<sup>161</sup> SCHIOCCHET, Taysa. O humano entre o direito e a genética: pressupostos para o debate legislativo acerca das implicações jurídicas concernentes à criação de bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal no Brasil. In: SCHIOCCHET, Taysa (Org.). **Bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal: análise interdisciplinar e em direito comparado**. Rio de Janeiro: Multifoco, 2015. p. 37.



Apesar desses questionamentos permanecerem em constante debate, com a necessidade de acompanhar o desenvolvimento tecnológico de vários países em matéria de investigação criminal, peritos criminais e políticos trabalharam assiduamente para a implantação dessa tecnologia no País desde o início dos anos 2000. Dessa forma, é oportuno conhecer o percurso da implementação dos bancos de perfis genéticos no Brasil, a fim de compreender a comunhão de diferentes interesses nos processos de legitimação dessa tecnologia.

## 2.2 Nos Bastidores, as Promoções e as Práticas de Lobby

No Brasil, o primeiro laboratório de DNA criminal foi inaugurado em 1995, no Distrito Federal. Mas apenas a partir dos anos 2000, casos como de Glória Trevi<sup>162</sup> e do menino Pedrinho, em que exames de DNA foram essenciais para a elucidação, começaram a dar mais visibilidade a essa técnica. Durante alguns anos, seis laboratórios oficiais de genética forense<sup>163</sup> processavam apenas casos fechados. Em 2002, o Governo Federal aprovou uma política de implantação de bancos de perfis genéticos para fins criminais no Brasil e incluiu essa proposta no Plano Nacional de Segurança Pública. A partir de então, foi dado início a investimentos em três frentes principais: formação de massa crítica, infraestrutura e legislação aplicada.<sup>164</sup>

Entre os anos 2003-2004, por meio da Secretaria Nacional de Segurança Pública (SENASP), no âmbito do Ministério da Justiça e Segurança Pública (MJSP), foram firmados Acordos de Cooperação Técnica (ACT) com Estados e Universidades, visando à capacitação de peritos e à implantação de laboratórios. Em 2005, foi publicado pela SENASP a “Padronização de exames de DNA em perícias criminais”.<sup>165</sup> O objetivo era possibilitar, tão logo, o intercâmbio de perfis genéticos por meio de uma rede de bancos de dados.<sup>166</sup>

Paralelamente, um grupo de pressão norte-americano exerceu forte influência pela aprovação de uma legislação que permitiria a coleta de perfis genéticos de presos/condenados no país. Vários esforços de *marketing* por lobistas têm sido feitos para incentivar a disseminação do uso de perfis genéticos.<sup>167</sup> O objetivo, adverte Helen Wallace, Diretora Executiva da *GeneWatch*, é garantir que o mercado do teste de DNA se expanda. A autora

<sup>162</sup> No caso Glória Trevi, o Supremo Tribunal Federal (STF) autorizou a realização de exame de DNA em sua placenta, com o fim de descobrir quem é o pai de seu filho, fruto de um estupro ocorrido nas dependências da Polícia Federal (PF). Cf. Disponível em: <<http://stf.jus.br/portal/cms/verNoticiaDetalhe.asp?idConteudo=58411>>.

<sup>163</sup> Distrito Federal, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, Paraíba, São Paulo e Rio Grande do Sul.

<sup>164</sup> ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA, *op. cit.*, unidade 2.

<sup>165</sup> Sobre o assunto, conferir: MJSP. Perícia. Disponível em: <<https://www.justica.gov.br/sua-seguranca/seguranca-publica/senasp-1/pericia>>.

<sup>166</sup> ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA, *op. cit.*, unidade 2.

<sup>167</sup> MOREAU, Yves. Crack down on genomic surveillance. *Nature*. v. 576. p. 36-38. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/d41586-019-03687-x>>. Acesso em 03 nov. 2020. p. 37.

também informa que o *lobby* pela criação ou expansão dos bancos de perfis genéticos frequentemente envolve alegações falaciosas, que podem resultar na adoção de políticas que não são efetivas. Afinal de contas, o mercado de testes só aumentará se os países adotarem legislações que ampliam a coleta de perfis genéticos de indivíduos, uma vez que a coleta de vestígios em cenas de crimes é relativamente pequena.<sup>168</sup>

A empresa de biotecnologia *Thermo Fisher Scientific* (TFS)<sup>169</sup>, com sede em Massachusetts, EUA, vem fazendo *lobby* globalmente, prestando consultorias e fazendo apresentações promocionais em vários países, com foco na expansão das bases forenses de DNA. Hoje, a empresa é líder em fornecimento de tecnologia para agências de segurança pública. Esse trabalho tem sido bem desempenhado pelo escritório *Gordon Thomas Honeywell Governmental Affairs* (GTH-GA)<sup>170</sup>.<sup>171</sup> O escritório também financia grupo de vítimas de crimes para fazerem *lobby* pela criação desses bancos,<sup>172</sup> como o programa *DNA Hit of the Year* e o grupo *DNA Saves*.<sup>173</sup>

Desde 2005, Tim Schellberg, fundador e presidente da GTH-GA, vem ministrando palestras no Brasil, cuja grande mensagem a repassar é que os bancos de perfis genéticos resolvem mais crimes, previnem mais crimes, exoneram inocentes e, como consequência, reduzem custos com segurança pública. As primeiras conferências foram patrocinadas pela *Applied Biosystems*, cuja fusão com a *Invitrogen*, em 2008, criou a antiga líder global em reagentes e biotecnologias *Life Technologies*, que, por sua vez, foi adquirida pela TFS, em

<sup>168</sup> WALLACE, Helen. A nova base de dados de DNA brasileira: solução de crimes ou erosão de direitos humanos?. *Revista Politics*. p. 2-12. Setembro/2012. Disponível em: <<https://politics.org.br/>>. Acesso em: 11 nov. 2020. p. 2-5.

<sup>169</sup> THERMO FISHER SCIENTIFIC. Disponível em: <<https://corporate.thermofisher.com/en/about-us.html>>. Acesso em: 01 set. 2020.

<sup>170</sup> Dentre os serviços que a empresa GTH-GA oferece, assuntos governamentais e desenvolvimento de mercado são suas maiores áreas, cobrindo os âmbitos locais, estaduais, federais e internacionais. Além de oferecer serviços a vários governos diferentes, o GTH-GA desenvolveu expertise em políticas em vários assuntos, incluindo tecnologia e biotecnologia, como umas das áreas de especialização mais notáveis da empresa. Cf. GORDON THOMAS HONEYWELL – GA. Disponível em: <<http://www.gth-gov.com/index.html>>. Acesso em: 12 nov. 2020.

<sup>171</sup> Por meio do DNAResource.com, a GTH fornece aos formuladores de políticas, laboratórios criminais, policiais e funcionários jurídicos os dados e os argumentos de políticas necessários para tomada de decisões informadas sobre banco de perfis genéticos, tendo já prestado consultorias a 50 países nos últimos 20 anos. Cf. DNAResource. Disponível em: <<http://www.dnaresource.com/>>. Acesso em: 11 nov. 2020. A TFS patrocina o DNAResource desde o seu início em 2000. Sobre isso, ver: <<https://www.dnaresource.com/sponsor>>.

<sup>172</sup> WALLACE, *op. cit.*, p. 3.

<sup>173</sup> O *DNA Hit of the Year* é um programa global desenvolvido para reconhecer o valor da tecnologia dos bancos de perfis genéticos para solucionar e prevenir o crime, patrocinado por GTH-GA. Disponível em: <<https://www.dnaresource.com/hitoftheyear>>. Acesso em: 01 mar. 2021. O *DNA Saves* é uma associação organizada para educar formuladores de políticas públicas sobre o valor do DNA forense. O grupo é apoiado pela empresa de relações públicas da *Life Technologies*, Harris D. McKinney. Cf. *DNA Saves*. Disponível em: <<http://www.dnasaves.org/>>. Acesso em: 01 mar. 2021.



2014. À época, *Applied Biosystems* produzia mais de 80% dos sequenciadores e reagentes de DNA do mundo.<sup>174</sup>

Em 5 de outubro de 2005, Tim Schellberg esteve em Brasília palestrando sobre as lições aprendidas com as expansões legislativas sobre bancos de perfis genéticos nos EUA e na Europa. Entre as ações sugeridas ao Brasil, cita-se: criar uma lei que maximizasse a taxa de *matches*, incluindo todos os suspeitos, condenados e jovens, inclusive aqueles já encarcerados; evitar excluir os perfis genéticos; resolver o *backlog*<sup>175</sup>; reduzir custos iniciais; conscientizar as autoridades policiais sobre o DNA; implementar um programa de DNA de vítima de estupro, o que gera forte apoio público; considerar um programa de proteção à inocência, para obter suporte dos opositores; e utilizar recursos gratuitos, como o *software* CODIS.<sup>176</sup>

Na mesma ocasião, como exemplo de prevenção de crimes, foi apresentado um estudo de Chicago, que foi mostrado ao respectivo Legislativo Estadual, naquele ano, sobre os antecedentes criminais de 08 indivíduos reincidentes por crimes diversos. Segundo o estudo, se o DNA tivesse sido exigido no momento da primeira prisão (e não apenas após a condenação), os primeiros crimes com vestígios biológicos recuperados, mas não esclarecidos à época dos fatos, poderiam ter sido solucionados imediatamente. Consequentemente, teriam sido evitados 60 crimes subsequentes, incluindo 53 homicídios e estupros.<sup>177</sup>

Entre 11 e 14 de junho de 2007, foi realizada, em Brasília/DF, a Reunião da Rede Nacional de Genética Forense,<sup>178</sup> formada por um grupo de peritos criminais. Esse grupo buscava promover a discussão sobre a inserção dos exames de DNA na segurança pública e a importância dos bancos de perfis genéticos.<sup>179</sup> Em 2009, o referido grupo optou por utilizar o *software* CODIS oferecido pelo FBI. Nesse mesmo ano, o Departamento da Polícia Federal (DPF) firmou um acordo com o FBI (*Letter of Agreement*), que possibilitou o uso do CODIS pela Rede já no ano de 2009, para a identificação de vítimas do acidente aéreo com o voo AF 477 (Rio-Paris).<sup>180</sup>

<sup>174</sup> Os slides encontram-se disponíveis no site: <<http://www.dnaresource.com/presentation>>. Acesso em: 12 nov. 2020.

<sup>175</sup> Acúmulo de amostras pendentes de análise (tipagem de DNA).

<sup>176</sup> Ver nota 174.

<sup>177</sup> DNAREcourse. **Chicago's Study on Preventable Crimes**. 2005. Disponível em: <<http://www.dnasaves.org/files/ChicagoPreventableCrimes.pdf>>. Acesso em: 12 nov. 2020.

<sup>178</sup> Nome batizado informalmente.

<sup>179</sup> ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA, *op. cit.*, unidade 2.

<sup>180</sup> GARRIDO, Rodrigo Grazinoli; RODRIGUES, Eduardo Leal. O banco de perfis genéticos brasileiro três anos após a Lei nº 12.654. **Revista de bioética y derecho**. n. 35 p. 94-107. 2015. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1344/rbd2015.35.14284>>. Acesso em: 25 nov. 2021. p. 97.

Ainda em 02 de dezembro 2008,<sup>181</sup> Tim Schellberg esteve novamente em Brasília para reforçar as orientações da palestra de 2005. Ademais, frisou-se que os legisladores estavam demorando para entender os bancos de perfis genéticos, sugerindo utilizar a estratégia *pass it and the money will come* (passe a lei e o dinheiro virá) e reforçou a importância de obter financiamento federal, de fornecer dados sobre prevenção e buscar envolver apoio de vítimas. Como exemplo de *victim advocacy* (defensores da vítima), citou-se o caso Debbie Smith, agredida sexualmente, cujo crime foi elucidado seis anos e meio depois, que deu nome à lei norte-americana *Debbie Smith Act*, de 2004. A lei fornece subsídios aos laboratórios estaduais e locais para eliminar o *backlog*.<sup>182</sup>

Entre os dias 03-28 de maio de 2010, especialistas do FBI foram a Brasília para realizar a instalação do CODIS e o primeiro treinamento do *software* (versão 5 e 6). Entre 2009 e 2010, foi iniciada, no Brasil, a implantação de bancos estaduais de perfis genéticos, conectados a um banco nacional, de forma integrada, alimentados apenas de vestígios que não dependiam de lei específica. Essa rede (futura RIBPG) seria, então, formalizada em 2013, pelo Decreto nº 7.950/13.<sup>183</sup>

Entre 15-16 de junho de 2010, Tim Schellberg retornou à Brasília, incentivando a promulgação de uma legislação autorizando um banco de perfis genéticos de referência de todas as pessoas presas, em consonância com as mudanças legislativas (expansivas) que estavam ocorrendo nos EUA. Nessa apresentação, como exemplo da eficácia na resolução de crimes, constava que se a taxa de *matches* no Reino Unido era de 60%, e se 5.000 estupros foram cometidos por estranhos que deixaram apenas vestígios de DNA na cena do crime, 3.000 desses casos poderiam ter sido resolvidos com um exame de DNA. E quanto à exoneração de crimes, citou-se a importância do *Innocence Project* nos EUA,<sup>184</sup> que exonerou 255 indivíduos usando DNA.

---

<sup>181</sup> Segundo Luiza Louzada e Leticia Veloso, Tim Schellberg também palestrou em 25 de junho de 2008, na Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ), sobre a importância da legislação na criação de bases de dados de DNA, no III Simpósio Internacional de Identificação Humana por DNA, mas cujas informações no site <<http://www.idd.uerj.br/simposio/>> já não estavam mais disponíveis no momento dessa pesquisa. Cf. LOUZADA, Luiza; VELOZO, Leticia. A regulamentação da identificação criminal por DNA no Brasil: uma reflexão necessária para um debate qualificado. In: SCHIOCCHET, Taysa; GARRIDO, Rodrigo Grazinolli. (Org.). **Bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal: práticas periciais e impactos jurídico-sociais** (I). 1 ed. Rio de Janeiro: Multifoco, 2018. p. 119-174.

<sup>182</sup> Ver nota 174.

<sup>183</sup> O segundo curso de capacitação do CODIS (versão 7.0) ocorreu em 2014 e o terceiro (nova versão 8.0) foi ministrado em 2019, dessa vez por peritos brasileiros. Cf. ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA, *op. cit.*, unidade 2; FILHO; MENEZES; FRANCEZ, *op. cit.*, p. 5-12.

<sup>184</sup> O *Innocence Project* é uma organização sem fins lucrativos, cuja missão é exonerar pessoas inocentes que permaneceram encarceradas e trazer reformas ao sistema de justiça criminal norte-americano. Cf. INNOCENCE PROJECT. Disponível em: <<https://innocenceproject.org/>>. Acesso em: 13 nov. 2020.

No entanto, sobre o exemplo utilizado do Reino Unido, citado por Tim Schellberg, o *Forensic Genetics Policy Initiative* (FGPI) observou que, em verdade, dos 13.133 estupros registrados na Inglaterra e no País de Gales em 2008/09, houve o esclarecimento de 3.411 crimes naquele ano. Desses, em apenas 168 casos, incluindo suspeitos estranhos e conhecidos, houve uma correspondência com bancos de perfis genéticos, o que revela um desempenho relativamente pequeno para a detecção (esclarecimento) dos casos.<sup>185</sup> Os possíveis benefícios dessa tecnologia geralmente são reforçados sem envolverem dados empíricos, sob pena de não ser tão atrativa a sua implementação.

Com relação ao que Tim Schellberg informou sobre o *Innocence Project*, no site da instituição é possível observar que de 232 vitórias da organização, até hoje, 192 (83%) foram exonerações por DNA.<sup>186</sup> Entretanto, é possível que estivesse se referindo às exonerações por DNA em âmbito nacional. Segundo dados do *The National Registry of Exonerations* (Registro Nacional de Exonerações – NRE), até 13 de março de 2021, das 2.754 exonerações desde 1989 registradas nos EUA, 532 (19,32%) foram por DNA.<sup>187</sup> Em qualquer caso, uma exoneração por DNA não significa que bancos de perfis genéticos foram utilizados ou foram essenciais para exonerá-los.

Em março de 2011, o Senador Ciro Nogueira apresentou o Projeto de Lei (PL) nº 09/2011,<sup>188</sup> que tratava da instituição de um banco de perfis genéticos para fins criminais. Na sequência, conforme lições de GTH-GA, outros esforços foram realizados junto ao Legislativo visando à sensibilização da importância de uma legislação permitindo a coleta do perfil genético de indivíduos. Um deles foi o encontro entre familiares das vítimas do *maníaco de Contagem*, peritos criminais e senadores, em 05 de julho de 2011 (anexo D).<sup>189</sup> Trata-se de Marcos Antunes

<sup>185</sup> No memorando consta 184, em vez de 168 casos. Em verdade, 184 refere-se ao ano de 2007/08. Estima-se que 5 a 25% dos crimes sexuais registrados na Inglaterra e no País de Gales sejam cometidos por estranhos. O NRE também observou que, no relatório de 2014-2015 do NDNAD, apenas 192 casos de estupros (por conhecidos e estranhos) levaram um *match* a um resultado obtido pela polícia de 29.265 crimes sexuais registrados naquele ano. Cf. THE FORENSIC GENETICS POLICY INITIATIVE. **FGPI Concerns on Commercial Lobbying**. September, 2017. Disponível em: <<http://dnapolicyinitiative.org/>>. Acesso em: 15 jan. 2021. p. 34.; GOV. UK. Home Office. **National DNA Database Strategy Board Annual Report 2007/09**. London, December, 2015. Disponível em: <<https://www.gov.uk/government/collections/dna-database-documents#reports>>. Acesso em: 15 jan. 2020.

<sup>186</sup> Segundo informações da organização: “A DNA exoneration occurs when a person who has been convicted of a crime is officially cleared based on post-conviction DNA testing (i.e., the DNA testing results were dispositive of actual innocence and central to vacating the conviction and/or dismissing the indictment).” Cf. <<https://innocenceproject.org/research-resources/>>.

<sup>187</sup> NRE é um banco de dados públicos que registra todas as exonerações nos EUA desde 1989. Cf. THE NATIONAL REGISTRY OF EXONERATIONS. Disponível em: <<https://www.law.umich.edu/special/exoneration/Pages/about.aspx>>. Acesso em: 13 mar. 2021.

<sup>188</sup> Informações sobre o Projeto de Lei 93/2011 que culminou na Lei 12.654/12, pode ser encontrada no site: <Projeto de Lei nº 93/2011 estão disponíveis em: <<http://www25.senado.leg.br/web/atividade/materias/-/materia/99463>>.

<sup>189</sup> ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA, *op. cit.*, unidade 2.

Trigueiro, preso desde 2010 e condenado por estupro, homicídio e ocultação de cadáver contra cinco mulheres em 2009, na Cidade de Belo Horizonte e Região Staley. <sup>190</sup> Para o Senador, se o Brasil já tivesse um banco de perfis genéticos à época dos fatos, quatro dos cinco casos poderiam ter sido evitados, <sup>191</sup> aplicando a mesma lógica do estudo de Chicago.

A Associação Nacional dos Peritos Criminais (APCF) também organizou uma coletiva de imprensa no Senado Federal, momento em que o Senador Ciro Nogueira apresentou à sociedade seu PL. Pedro Lacerda conta que, na ocasião, “os familiares das vítimas reivindicaram a regulamentação e a implantação dessa ferramenta para coibir a reincidência de criminosos e a consequente perda de vidas.” <sup>192</sup> Segundo Guilherme Jacques, <sup>193</sup> o que impulsionou a aprovação desse Projeto foi o caso do *maníaco de Contagem*.

Sobre esse ponto, assim como o exemplo da lei norte-americana *Debbie Smith Act*, Analicia Sousa <sup>194</sup> chama a atenção para o fato de que a importância da figura da vítima, em situações que envolvem alguma forma de violência, cuja indignação e comoção social são promovidas pela mídia, tem se tornado uma estratégia bastante eficaz nas sociedades contemporâneas para aprovação de leis de cunho punitivo. Se as vítimas antes eram esquecidas, elas voltam agora para a vingança. São trazidas ao público por uma imagem projetada e politizada por políticos e executivos da mídia, que exploram suas experiências em interesse próprio, sejam eles eleitores ou comerciais. <sup>195</sup>

Em 28 de julho de 2011, a antiga *Life Technologies* promoveu um evento internacional em Salvador, em que, novamente Tim Schellberg apresentou o avanço das expansões dos bancos de perfis genéticos em países estrangeiros e, como consequência, o aumento da taxa de *matches* obtidos. Após a aprovação do PL nº 09/2011, promulgando a Lei 12.654/12, que autoriza a coleta de perfis genéticos de referência de suspeitos e condenados, Tim Schellberg

<sup>190</sup> O caso é citado em várias apresentações da GTH-GA. Cf. G1. Minas Gerais. **'Maníaco de Contagem' é condenado pela quinta vez na Grande BH.** 07.02.2018. Disponível em: <<https://g1.globo.com/mg/minas-gerais/noticia/maniaco-de-contagem-e-condenado-pela-quinta-vez-na-grande-bh.ghtml>>. Acesso em: 18 nov. 2020.

<sup>191</sup> NOVAES, Patrícia. Brasil terá banco de dados com amostras de DNA de criminoso. **Rádio Senado.** 30.05.2012. Disponível em: <<https://www12.senado.leg.br/radio/1/noticia/2012/05/30/brasil-tera-banco-de-dados-com-amostras-de-dna-de-criminoso>>. Acesso em: 18 nov. 2020.

<sup>192</sup> LACERDA, *op. cit.*, p. 34.

<sup>193</sup> JACQUES, Guilherme Silveira. Câmara dos Deputados. Legislação Penal e Processual Penal - Identificação genética e banco de perfis - 14/05/2019. **Audiência Pública Ordinária.** Disponível em: <<https://www.youtube.com/watch?v=z0J71pG2kkE&t=4972s>>. Acesso em: 12 dez. 2020. (vídeo - informação verbal).

<sup>194</sup> SOUSA, Analicia Martins de. Leis em (com) nomes de vítimas: a ampliação do Estado polícia e a produção de subjetividades na contemporaneidade. **Estudos e Pesquisas em Psicologia.** v. 17. p. 951-969, 2017. Disponível em: <<https://doi.org/10.12957/epp.2017.37696>>. Acesso em: 21 nov. 2020.

<sup>195</sup> GARLAND, David. **A Cultura do Controle:** Crime e ordem social na sociedade contemporânea. Rio de Janeiro: Revan, 2017. (Tradução André Nascimento). p. 316-317.

retornou a Brasília em 5 de setembro de 2012, homenageando o Senador Ciro Nogueira, pela proposição da lei, a Polícia Federal e os familiares de vítimas de crimes que apoiaram o rápido processo legislativo (14 meses). Na ocasião, foram apresentadas algumas diretrizes legislativas e técnicas, como a necessidade de se adotar marcadores compatíveis com bancos internacionais para pesquisas em âmbito global.<sup>196</sup>

Todo o esforço do escritório GTH-GA rendeu frutos no Brasil, como em diversos outros países do globo. Pelo menos até 2017, a antiga *Life Technologies* (e atual TFS) é uma das principais empresas fornecedoras de equipamentos, insumos e utensílios para laboratórios forenses no país.<sup>197</sup> Como se verifica, interesses de grandes corporações fornecedoras de reagentes e equipamentos para as análises genéticas também cumpriram um papel importante nas decisões sobre a implantação dos bancos de perfis genéticos no Brasil.

Os esforços para a implementação - e hoje pela expansão - dos bancos de perfis genéticos no Brasil não se limitaram às empresas de lobby. Peritos criminais acabaram servindo como porta-voz da categoria, emprestando prestígio da perícia forense para o endosso da nova tecnologia, reforçada posteriormente por políticos. O próprio PL nº 93/11 foi uma resposta às demandas dos peritos criminais brasileiros, especialmente da Polícia Federal, a fim de que o Brasil pudesse usufruir dessa tecnologia de forma mais efetiva para o combate à violência. Os peritos, então, passaram a figurar, não apenas como os responsáveis por analisar exames de DNA, mas como verdadeiros atores para criar a legislação que possibilitasse maior uso desses exames.<sup>198</sup>

Sobre esse cenário, Cláudia Fonseca<sup>199</sup> faz uma síntese: essencialmente, destacam o poder de inocentar pessoas injustamente acusadas ou condenadas; antecipam críticas, como o uso de técnicas não invasivas e a ausência de informação contida no perfil genético para além da identificação; mostram fotos e contam histórias de sucessos; e louvam repetidamente o Reino Unido, onde esses bancos, supostamente, ajudaram a acabar com a impunidade de criminosos. Para exemplificar em termos práticos, ressaltam o estudo de Chicago e o caso do *maníaco de Contagem*.<sup>200</sup>

<sup>196</sup> Ver nota 174.

<sup>197</sup> CLÍNICA DE DIREITOS HUMANOS|BIOTECJUS (CDH|UFPR). *op. cit.*, p. 102.

<sup>198</sup> RICHTER, *op. cit.*, p. 114-115.

<sup>199</sup> FONSECA, Claudia. Mediações, tipos e figurações: reflexões em torno do uso da tecnologia DNA para identificação criminal. *Anuário Antropológico*. p. 9-33. 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.4000/aa.363>>. Acesso em: 25 fev. 2021. p. 22.

<sup>200</sup> JACQUES, Guilherme Silveira. Câmara dos Deputados. Legislação Penal e Processual Penal - Identificação genética e banco de perfis - 14/05/2019. **Audiência Pública Ordinária**. Disponível em: <<https://www.youtube.com/watch?v=z0J71pG2kkE&t=4972s>>. Acesso em: 12 dez. 2020. (vídeo - informação verbal); Sobre as palestras e entrevistas, ver: Banco Nacional de Perfis Genéticos: <<https://www.youtube.com/watch?v=c9bYU3OguaY>>; Bancos de Perfis Genéticos (Banco de DNA):



Quando se passa a impressão de que entraremos em uma nova era da justiça, cujos benefícios potenciais são enfatizados diariamente, investimentos pelo Governo Federal se tornam uma questão de tempo. Em 2019, o MJSP investiu 35 milhões e, em 2020, 80 milhões, em uma ação conjunta entre a SENASP e a PF para o fortalecimento da RIBPG.<sup>201</sup> Também é possível perceber que, independentemente da criação de bancos de perfis genéticos, mas em razão deles, esses esforços contribuíram para que todos os Estados conseguissem criar laboratórios de genética forense, o que não era uma realidade até 2019 e, sem dúvida, trata-se de um avanço.

Uma vez implantados, o gerenciamento dos bancos de perfis genéticos, como quem deve compor os bancos de referência, por quais crimes etc., precisa estar atrelado às prioridades de policiamento e segurança do nosso contexto.<sup>202</sup> Em vista disso, como lembra Taysa Schiocchet, a reflexão e o diálogo interdisciplinar, constante, plural e transparente entre os diversos setores afetados, são fundamentais “de modo a mitigar eventuais interesses pessoais ou corporativos presentes nos processos de legitimação, utilização e disseminação de tais tecnologias.”<sup>203</sup> Como veremos, o atual panorama jurídico e político da regulamentação brasileira referente à configuração e composição dos bancos de perfis genéticos guardam controvérsias entre diferentes especialistas, cujas discussões tensionam entre eficácia e seletividade da legislação.

### 2.3 A Lei 12.654/2012, o BNPG e a Seletividade Penal

Apenas em 2019, registraram-se 1.314.472 roubos e furtos, 66.123 estupros e estupros de vulneráveis e 47.773 mortes intencionais ocorridos no país, segundo dados fornecidos pelo Fórum Brasileiro de Segurança Pública (FBSP).<sup>204</sup> Não existem estatísticas em números

---

<<https://www.youtube.com/watch?v=mqNKlhx3shE&t=127s>>; Brasil em Pauta | Banco Genético: <<https://www.youtube.com/watch?v=JPgoAwZuXzA&t=809s>>. Sobre artigos, ver: ASSOCIAÇÃO NACIONAL DOS PERITOS CRIMINAIS FEDERAIS (APCF). **Revista Perícia Federal**: banco de dados de perfis genéticos – o DNA a serviço da justiça. Brasília, ano IX, n. 26. p. 1-36. jun/2007 a mar/2008.; JACQUES, Guilherme. **Entrevista concedida à Revista Perícia Federal**. Brasília, ano XV, n. 46. p. 4-5. jun/2019. p. 4.

<sup>201</sup> GOVERNO FEDERAL. Ministério da Justiça e Segurança Pública. **Quase 2 mil investigações são auxiliadas pelo Banco Nacional de Perfis Genéticos**. 11.12.2020. Disponível em: <<https://www.gov.br/mj/pt-br/assuntos/noticias/quase-2-mil-investigacoes-sao-auxiliadas-pelo-banco-nacional-de-perfis-geneticos>>. Acesso em: 15 dez. 2020.

<sup>202</sup> THE FORENSIC GENETICS POLICY INITIATIVE. **Establishing Best Practice for Forensic DNA Databases**. September, 2017. Disponível em: <<http://dnapolicyinitiative.org/>>. Acesso em: 15 jan. 2021. p. 35.

<sup>203</sup> SCHIOCCHET, Taysa. Bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal. **Série pensando o direito**. vol. 43. Brasília: Ministério da Justiça, 2012. p. 75.

<sup>204</sup> FÓRUM BRASILEIRO DE SEGURANÇA PÚBLICA. **Anuário Brasileiro de Segurança Pública**. ano 14. 2020. Disponível em: <<https://forumseguranca.org.br/anuario-brasileiro-seguranca-publica/>>. Acesso em: 04 fev. 2021.

oficiais acerca da taxa de elucidação desses crimes no âmbito nacional, embora haja um senso comum de que essa taxa não passe de 10% para as três categorias de crimes. O estudo mais recente (não completo por falta de dados) é a pesquisa do Instituto Sou da Paz, em sua 3ª edição de “*Onde Mora a Impunidade*”, o qual estimou o índice de esclarecimento de homicídios em 33%, o que não deixa de ser uma estatística baixa.<sup>205</sup>

Em meio a esses altos índices de criminalidade (conhecida), surgem os bancos de perfis genéticos como política criminal prioritária. Acredita-se que a implantação dessa tecnologia no Brasil veio trazer maior rigor científico e tecnológico no auxílio às resoluções dos casos penais. Resolvendo mais crimes, reduz-se o sentimento de impunidade e, consequentemente, a reincidência.<sup>206</sup> Não reconhecer a legitimidade do estabelecimento dessa tecnologia seria o mesmo que condenar o Brasil ao “anacronismo investigativo e tecnológico” e andar da contramão de uma tendência mundial, defendem alguns peritos e juristas.<sup>207</sup>

A criação dessa ferramenta no país se concretizou com a Lei nº 12.654, de 28 de maio de 2012, a qual trouxe significativas alterações nas Leis nº 12.037/09 e 7.210/84 sobre o tema, com recentes alterações promovidas pela Lei nº 13.964/19.<sup>208</sup> A regulamentação sobre a instalação e funcionamento dos bancos ocorreu por meio do Decreto nº 7.950/13 (atualizado pelo Decreto nº 9.817/19), ambos da Presidência da República. O Decreto instituiu o Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG), formalizou a Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (RIBPG),<sup>209</sup> no âmbito do MJSP, e criou um Comitê Gestor da RIBPG (CG-RIBPG).

Com finalidade eminentemente probatória, é possível a identificação criminal por meio de perfil genético dos suspeitos da prática de crimes, quando imprescindível para as investigações e mediante ordem judicial (art. 5º, § único), bem como dos condenados por crimes dolosos cometidos com violência de natureza grave contra a pessoa, contra a vida, contra a liberdade sexual ou por crime sexual contra vulnerável, os quais poderão ser submetidos à

<sup>205</sup> Apenas 10 Estados e o Distrito Federal apresentaram registros completos. Cf. INSTITUTOSODAPAZ. **Onde mora a impunidade? 3ª edição – 2020**. Disponível em: <<http://soudapaz.org/>>. Acesso em: 04 fev. 2020.

<sup>206</sup> DA SILVA, *op. cit.*, p. 501-502.

<sup>207</sup> TRINDADE, Bruno Rodrigues; NETO, João Costa. A genética forense a serviço do iluminismo. **Revista Perícia Federal: Pau d’Arco**. Brasília, ano XVIII, n. 40. p. 15-18. Dezembro, 2017. p. 18.; SAUTHIER, Rafael. São possíveis a identificação e a investigação criminal genética em harmonia com os direitos fundamentais? In: SCHIOCCHET, Taysa; GARRIDO, Rodrigo Grazinolli. (Org.). **Bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal: práticas periciais e impactos jurídico-sociais (I)**. 1 ed. Rio de Janeiro: Multifoco, 2018. p. 247.

<sup>208</sup> Na redação original, obrigava-se os condenados por crimes dolosos com violência de natureza grave e crimes hediondos a serem submetidos à identificação pelo perfil genético. Em sessão no Congresso Nacional, no dia 19 de abril de 2021, foi parcialmente derrubado o veto (VET) 56/2019, o qual havia barrado 24 dispositivos do Pacote Anticrime, que deu origem à Lei nº 13.964/19, incluindo quatro dispositivos relativos aos bancos de perfis genéticos, alterando o *caput* do art. 9-A e incluindo os §5º, 6º e 7º da Lei 7.210/84.

<sup>209</sup> A RIBPG destina-se também a subsidiar a identificação de pessoas desaparecidas. A amostra cedida pelos parentes das pessoas desaparecidas só poderá ser utilizada para esse fim (artigo 8º do Decreto nº 7.950/13).



extração compulsória do material genético,<sup>210</sup> por ocasião do ingresso no sistema prisional ou durante o cumprimento da pena (art. 9-A, §4º). Em caso de recusa da pessoa condenada, esta poderá incorrer em falta grave (art. 9º-A, §8º), acarretando severas consequências durante o cumprimento da pena.<sup>211</sup>

O principal ponto debatido na doutrina, atualmente, sobre a legislação é o caráter compulsório da coleta do material biológico dos acusados e dos condenados. Como essa compulsoriedade tem por único objetivo relacionar o material genético do indivíduo à autoria de algum crime, sendo, portanto, uma medida investigatória,<sup>212</sup> bem como envolve a manipulação e o armazenamento de dados pessoais sensíveis, notadamente os dados genéticos,<sup>213</sup> invariavelmente, direitos fundamentais são atingidos. Os questionamentos mais comuns dizem respeito aos direitos constitucionais, na esfera processual penal, o direito de não se autoincriminar<sup>214</sup> e a presunção de inocência<sup>215</sup> e, na esfera civil, os direitos relativos à personalidade, como a privacidade, integridade física e a autodeterminação corporal.<sup>216</sup>

A doutrina se divide sobre *se* e *quais* direitos estão sendo violados ou relativizados, havendo posicionamentos garantistas, que sustentam a impossibilidade da extração

<sup>210</sup> Aquele que permitir ou promover uso diverso do previsto na lei ou em decisão judicial, poderá responder no âmbito civil, penal ou administrativamente (art. 5º-A, §2º). Deve-se ainda haver regulamentação garantindo minimamente a proteção aos dados genéticos (art. 9º-A, §1º-A), bem como ser assegurado ao titular dos dados genéticos o acesso amplo aos dados contidos no banco e a todos os documentos da cadeia de custódia do material coletado (art. 9º-A, §3º).

<sup>211</sup> Nota-se que a previsão de sanção contradiz com o caráter coercitivo da coleta de DNA ao prever, simultaneamente, a possibilidade de recusa. A falta grave impõe a interrupção do trabalho externo (§ único do art. 37), regressão de regime (inciso I do art. 118), interrupção do prazo para obtenção da progressão de regime (§ 6º do art. 112), revogação da saída temporária (art. 125), revogação de dias remidos (art. 127), revogação da monitoração eletrônica (inciso II do art. 146-D) e a conversão da pena restritiva em privativa de liberdade (§ 1º, alínea 'd', do art. 181), todos previstos na LEP

<sup>212</sup> Existem correntes contrárias, no sentido de que a obtenção do perfil genético é, ou deveria ser, meramente para fins de identificação. Sobre isso, ver: RANGEL, Paulo. **Direito Processual Penal**. 21. ed. São Paulo: Atlas, 2013. p. 166.; GRECO, Rogério. Coleta de perfil genético como forma de identificação criminal. In: **Revista Jurídica Consulex**. Brasília, v. 17, n. 389, p. 32–33, abr., 2013.; NICOLITT, André. WEHRS, Carlos Ribeiro. **Intervenções Corporais no Processo Penal e a Nova Identificação Criminal**. Lei 12.654/12. 2 ed. São Paulo: Revista dos Tribunais, 2015. p. 187-190.

<sup>213</sup> Art. 5º, inciso II, da Lei de Proteção de Dados (Lei nº 13.709/2018): II - dado pessoal sensível: dado pessoal sobre origem racial ou étnica, convicção religiosa, opinião política, filiação a sindicato ou a organização de caráter religioso, filosófico ou político, dado referente à saúde ou à vida sexual, dado genético ou biométrico, quando vinculado a uma pessoa natural.

<sup>214</sup> Esse princípio está previsto no Tratado Internacional da Convenção Americana dos Direitos Humanos (CADH), também chamado de Pacto de San José da Costa Rica, do qual o Brasil também é signatário, desde o advento do Decreto nº 678, de 6 de Novembro de 1992, nos seguintes termos: Art. 8º [...] Durante o processo, toda pessoa tem direito, em plena igualdade, às seguintes garantias mínimas: 2. (...) g) direito de não ser obrigado a depor contra si mesma, nem a declarar-se culpada. Na Constituição Federal, está prevista no Art. 5º [...] LXIII - o preso será informado de seus direitos, entre os quais o de permanecer calado, sendo-lhe assegurada a assistência da família e de advogado.

<sup>215</sup> Art. 5º [...] LVII - ninguém será considerado culpado até o trânsito em julgado de sentença penal condenatória.

<sup>216</sup> Art. 5º [...] X - são invioláveis a intimidade, a vida privada, a honra e a imagem das pessoas, assegurado o direito a indenização pelo dano material ou moral decorrente de sua violação.; Art. 5º [...] XLIX - é assegurado aos presos o respeito à integridade física e moral.

compulsória do material genético,<sup>217</sup> e posicionamentos mais restritivos, no sentido da possibilidade dessa compulsoriedade por ser uma medida *adequada, necessária e justificável* (princípio da proporcionalidade),<sup>218</sup> ou, uma posição minoritária, que defende a ausência de qualquer violação a direitos fundamentais.<sup>219</sup> O tema sobre a afetação a esses direitos da personalidade e da prerrogativa de não se autoincriminar em relação à obrigatoriedade da extração compulsória do material biológico dos condenados está atualmente em discussão no Supremo Tribunal Federal (STF), com repercussão geral desde 2016, no bojo do Recurso Extraordinário nº 973.837, a quem caberá se manifestar de forma definitiva a respeito.

Como também se nota na legislação, no caso de suspeitos, não se definiu um rol de crimes, cuja identificação criminal pelo perfil genético poderá ocorrer em qualquer fato investigado, desde que a autoridade judicial autorize de forma fundamentada a necessidade dessa medida investigatória. A lei também não especificou se o perfil genético poderá ser utilizado somente para o fato penal investigado em que foi autorizada a obtenção do perfil genético. Contudo, se a finalidade é para fins de investigação de um caso concreto, deverá haver uma vinculação causal, ou seja, a prova genética não poderá ser utilizada para outras investigações.<sup>220</sup>

Já no que tange aos condenados, o critério atual, um tanto quanto ambíguo por não trazer um rol taxativo, não parece ter observado algum critério rigoroso na eleição dos crimes. Partiu-se de uma presunção simplória de que a obtenção obrigatória do perfil genético de pessoas condenadas por crimes considerados graves, em especial roubos, homicídios, sexuais, lesões corporais, extorsões etc., podem ser úteis para o eficientismo estatal na persecução de outros

<sup>217</sup> Sobre os autores que se posicionam pela existência de violação a direitos fundamentais com a coleta compulsória do material genético, conferir: MARCÃO, Renato. **Lei de Execução Penal Anotada**. 4ª Edição. São Paulo, Editora Saraiva, 2013. p. 51.; LOPES JR. Aury. **Direito processual penal**. 17 ed. São Paulo: Saraiva Educação, 2020. p. 481-483.; NICOLITT; WEHRS, *op. cit.*, p. 187-206.; QUEIJO, Maria Elizabeth. O princípio nemo tenetur se detegere e a coleta de material genético: identificação criminal ou colaboração na produção da prova. **Boletim Instituto Brasileiro de Ciências Criminais**. v. 21. n. 250. 2013.; MACHADO, Antônio Alberto. **Identificação Criminal pelo DNA**. Disponível em: <[http://www.midia.apmp.com.br/arquivos/pdf/artigos/2012\\_identificacao.pdf](http://www.midia.apmp.com.br/arquivos/pdf/artigos/2012_identificacao.pdf)>. Acesso em: 19 out. 2014.; RANGEL, *op. cit.*, p. 166-168.; PITOMBO, Sérgio Marcos de Moraes. Identificação Criminal e banco de dados genéticos. In: **Revista do Advogado**. São Paulo, n. 78, p. 7-12, ano XXIV. set-2004. p. 10.; NUNES, Adeildo. **Da execução Penal**. 3. ed. Rio de Janeiro: Forense, 2013. p. 118.

<sup>218</sup> Sobre os autores que sustentam a existência de afetação à direitos fundamentais, mas que julgam a extração compulsória do material genético uma medida adequada, necessária e justificável, por um critério de proporcionalidade, conferir: SAUTHIER, *op. cit.*, p. 153-167.; BONACCORSO, **Aplicação ...op. cit.**, p. 131-134.

<sup>219</sup> Sobre os autores que sustentam a ausência de qualquer violação à direito fundamental da extração compulsória do material genético, ver: PACELLI, Eugênio. **Curso de Processo Penal**. 17. ed. São Paulo: Atlas, 2013. p. 181.; NUCCI, Guilherme de Souza. **Manual de Processo Penal e Execução Penal**. 10. ed. São Paulo: Revista dos Tribunais, 2013. p. 1045.; GRECO, *op. cit.*, p. 32-33.; FELLER, Marcelo. Lei nº 12.654/2012: Solução ou Problema. In: **Revista Jurídica Consulex**. Brasília, v. 17, n. 389, p. 38-39, abr. 2013.

<sup>220</sup> LOPES JR, *op. cit.*, p. 482-483.

crimes (passados ou futuros). Nota-se que essa presunção está de acordo com a lógica de funcionalidade dos bancos de perfis genéticos, isto é, os reincidentes.

Na visão de alguns estudiosos sobre o tema,<sup>221</sup> a legislação revela uma política criminal discriminatória, ao partir de uma presunção de *periculosidade* e institucionalizar a existência de uma classe criminosa, fadados a reincidir. Sobretudo quando se prevê apenas um grupo seletivo de crimes, que vai atingir, essencialmente, grupos vulneráveis, vinculando-se a um direito penal do autor ou do inimigo. Rodrigo Roig<sup>222</sup> e Maria Queijo<sup>223</sup> argumentam que, diante da grave seletividade penal do nosso sistema, esse banco pode ficar repleto de jovens negros e pobres (ponto sobre o qual falaremos em momento oportuno).<sup>224</sup>

Na alteração legislativa pela Lei nº 13.964/19, foi determinado que o perfil genético da pessoa absolvida será excluído de forma automática<sup>225</sup> e, por decorrência lógica, dos suspeitos que tiveram a seu favor inquéritos arquivados ou denúncias rejeitadas. Entretanto, conta-se que há uma forma de “driblar” o rol de crimes previsto no art. 9-A para o caso de pessoas condenadas. Se um suspeito for identificado criminalmente da prática de um crime por furto qualificado, por exemplo, em caso de condenação, esse perfil genético poderá ser mantido no BNPG, uma vez que não há previsão da exclusão desse perfil, a não ser em caso de absolvição.

Já com relação às pessoas condenadas, a exclusão do perfil genético dos bancos de dados ocorrerá após decorridos 20 (vinte) anos da extinção da pena, mediante requerimento (art. 7º-A). Nesse caso, além da retenção por um longo prazo, muito superior ao da reincidência (cinco anos após a extinção da punibilidade) e sem justificativas razoáveis, a legislação impôs um grave ônus, ao exigir um requerimento formal para a exclusão do perfil genético, pois a falta dessa formalidade permite que muitos perfis permaneçam indefinidamente armazenados.

Na mais recente alteração legislativa da Lei nº 13.964/19 pelo Congresso Nacional, foi determinado que a amostra biológica só poderá ser utilizada para fins de identificação pelo perfil genético, estando proibidas as práticas de fenotipagem de DNA e de pesquisa familiar (art. 9-A, §5º). Impede-se, portanto, o manuseio dessas amostras para outros fins que não a

<sup>221</sup> TAVARES, Natália Lucero Frias; GARRIDO, Rodrigo Grazinoli.; SANTORO, Antônio Eduardo Ramires. O Banco de Perfis Genéticos e a Estigmatização Perpétua: uma Análise do art. 9º-A da Lei 7.210/84 à Luz da Criminologia Crítica. **Revista Jurídica**. v. 4. p. 207-226. 2016. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.21902/revistajur.2316-753X.v4i45.1795>>. Acesso em: 06 mar. 2021. p. 217-218.; PITOMBO, *op. cit.*, p. 10.; RIZZO, Mariane Vieira. O uso da biotecnologia com o devido respeito aos direitos fundamentais do ser humano - uma análise crítica necessária. In: **Revista do Laboratório de Estudos da Violência da UNESP**. 11. ed. p. 15-27, 11, mai-2013. p. 22.; LOPES JR, *op. cit.*, p. 484.; GIAMBERARDINO, André. **Comentários à Lei de Execução Penal**. Belo Horizonte: CEI, 2018. p. 45.

<sup>222</sup> ROIG, Rodrigo Duque Estrada. **Execução penal: teoria crítica**. 3 ed. São Paulo: Saraiva, 2017. p. 158-159.

<sup>223</sup> QUEIJO, *op. cit.*

<sup>224</sup> Em que pese as críticas serem anteriores à modificação do art. 9-A pelo VET 56/2019, a seletividade da legislação permanece.

<sup>225</sup> NICOLITT; WEHRS, *op. cit.*, p. 198.

identificação criminal. A proibição dessas práticas foi um passo importante, principalmente na ausência de um amplo debate necessário na literatura brasileira sobre as diferentes implicações do uso de estratégias que vão muito além de uma identificação para fins probatórios. A delimitação do uso do material biológico ao menos fornece alguma garantia de *como* as informações genéticas serão utilizadas pelas forças investigativas.

Ademais, as amostras biológicas que deram origem ao perfil genético de pessoas condenadas devem ser imediatamente descartadas (art. 9-A, §6º). De um lado, há um prejuízo para a *contraprova* ou *contraperícia* e, conseqüentemente, da garantia de qualidade. Por outro, previne que o material genético do indivíduo seja manipulado para obtenção de informações adicionais, como relacionadas à saúde, relações de parentesco ou inferências étnicas, por exemplo, considerando que a amostra contém toda a carga genética do indivíduo.<sup>226</sup> Entretanto, é possível a realização de *nova perícia*,<sup>227</sup> de modo a poder confrontar a perícia anterior.

A coleta da amostra biológica e a elaboração do respectivo laudo devem ser realizadas por perito oficial (art. 9-A, §7º), cuja técnica empregada deve ser adequada e indolor (art. 9º-A), no caso, esfregaço da mucosa oral (Resolução nº 10/2019-RIBPG). As informações contidas nos bancos não podem revelar traços somáticos (físicos) ou comportamentais das pessoas, exceto a determinação genética de sexo. Os dados devem ser sigilosos e gerenciados por uma unidade oficial de perícia criminal (art. 5º-A, §1º). Não há informações sobre como os dados pessoais são armazenados, apenas presume-se que ficam sob a responsabilidade dos administradores da RIBPG, dissociados do perfil genético (Resolução nº 3/2014). Contudo, o registro do perfil genético, sendo uma das formas de identificação criminal, poderá constar na ficha de antecedentes criminais após o trânsito em julgado da sentença condenatória (art. 6º).

Na forma de funcionamento do BNPG, regularmente os perfis genéticos armazenados são confrontados em âmbito interestadual, por meio da RIBPG, com a utilização do *software* CODIS. Em âmbito internacional, por meio do banco *DNA Gateway*, da Interpol,<sup>228</sup> também é

<sup>226</sup> THE FORENSIC GENETICS POLICY INITIATIVE. *Establishing...* *op. cit.*, p. 14.

<sup>227</sup> Norma Bonaccorso esclarece as diferenças dos termos: *contraprova* “diz respeito à realização de exame em parte íntegra remanescente de material que fora depositado local seguro e isento, cuja outra parte dele, anteriormente examinada, deu origem a uma nova prova que está sendo examinada, deu origem a uma prova que está sendo contestada. O termo *contraperícia* refere-se à elaboração de uma nova perícia em material remanescente da perícia anteriormente realizada. O termo *nova perícia* diz respeito à realização de outra perícia em material já periciado, anteriormente ou não, entretanto, atinente à mesma ocorrência.” *Cf. Aplicação...* *op. cit.*, p. 54.

<sup>228</sup> Considerando que o Brasil é membro da Organização Internacional de Polícia Criminal - Interpol, conforme consta na Ata da 55ª Assembleia Geral, a partir de janeiro de 2018, o BNPG passou a atender demandas oriundas da Interpol e o compartilhamento de perfis genéticos de interesse de investigações internacionais. São compartilhados apenas vestígios de local de crime, restos mortais ou referências de pessoas desaparecidas. Entretanto, outros países membros da Interpol podem solicitar buscas e inserções no BNPG, desde que motivada, cujo pedido é submetido à aprovação. Em novembro de 2019, ocorreu o primeiro *match* internacional entre um vestígio de um local de crime ocorrido em 2018, na cidade de Cayenne/Guiana Francesa, e um indivíduo

possível o compartilhamento de perfis genéticos, não de forma direta como no âmbito interestadual, mas mediante uma solicitação.

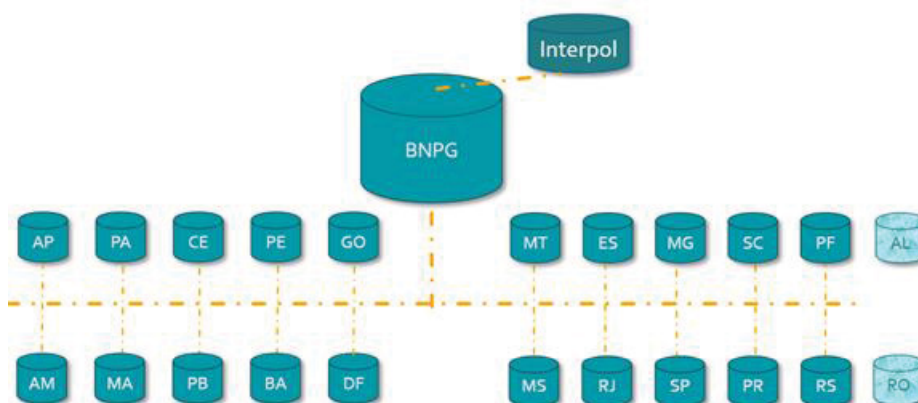


Figura 9 - “Representação do Banco Nacional, Bancos Estaduais, Banco Distrital e Banco Federal de Perfis Genéticos que integravam a RIBPG até março/2020.” AL e RO foram integrados no final de 2020. Fonte: ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA. **Curso Básico Sobre o Banco de Perfis Genéticos e a Legislação Aplicada - 2020.X3**. 25.11.2020 a 28.02.2021. 50h. (curso online). Unidade2.

Para que as buscas nos bancos de perfis genéticos forneçam resultados conclusivos, são exigidos nas categorias de amostras criminais, pelo menos, os treze primeiros marcadores autossômicos do CODIS, estabelecidos em 1997 pelo FBI (CSF1PO, FGA, TH01, TPOX, vWA, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51 e D21S11). No caso de vestígio parcial, geralmente oriundas de amostras parcialmente degradadas ou com misturas, são exigidos, ao menos, oito desses treze marcadores. E em se tratando de restos mortais identificados (RMI), são exigidos, pelo menos, nove dos treze marcadores.<sup>229</sup>

Em todos os casos, são também aceitos os marcadores D2S1338, D19S433, Penta D, Penta E, D10S1248, D22S1045, D1S1656, D12S391, D2S441 e da Amelogenina. Além disso, são também aceitos os seguintes marcadores do cromossomo Y:<sup>230</sup> DYS19, DYS385, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS438, DYS437, DYS439,

cadastrado criminalmente no Pará. Em outubro/2020, ocorreu o primeiro *match* transcontinental entre um perfil de um indivíduo inserido pela Áustria e dois vestígios coletados em 2015 pela PF relacionados a crimes de furto com arrombamento. Até novembro/2020, mais de 17 mil perfis (vestígios e restos mortais não identificados) originados no Brasil foram inseridos nesse banco. Cf. Relatórios XI, de Nov/2019, XII, de Mai/2020 e XIII, de Nov/2020 da RIBPG. **Relatório**. Brasília. Disponível em: <<https://www.justica.gov.br/sua-seguranca/seguranca-publica/ribpg/relatorio>>. Acesso em: 06 dez. 2020. p. 35.

<sup>229</sup> BRASIL. RIBPG. **Manual De Procedimentos...et seq.**

<sup>230</sup> As análises Y-STR ficam restritas às comparações dos haplótipos nos casos cujos suspeito é conhecido, não sendo ainda permitida a utilização do Y-STR em BPGs para pesquisa familiar em casos criminais. Cf. FRANCEZ; RESQUE, *op. cit.*, p. 337.



DYS448, DYS456, DYS458, DYS481, DYS533, DYS549, DYS570, DYS576, DYS635, DYS643, YGATAH4.<sup>231</sup> No total, atualmente, utilizam-se cerca de 20 marcadores.<sup>232</sup>

Segundo o último relatório semestral (XIII) da RIBPG, atualizado até 28 de novembro de 2020, 22 laboratórios fazem parte da RIBPG, sendo 20 estaduais, 1 distrital e 1 da Polícia Federal. O BNPG continha, até o mesmo período, 86.306 perfis genéticos relacionados a casos criminais. Deste total, a maior proporção de perfis corresponde a condenados (69.543), seguido de vestígios (15.220), em razão do sigilo dos dados, identificados criminalmente (877), por decisão judicial (421) ou RMI (245).<sup>233</sup> A quantidade de perfis de condenados e de vestígios ainda está bem aquém do que deveria, em especial por falta de recursos e profissionais para a coleta, bem como em razão da falta de integração de alguns laboratórios estaduais à RIBPG.

Quanto ao impacto avaliado com o uso dos bancos de perfis genéticos,<sup>234</sup> até a referida data, a RIBPG apresentou ao poder público 2.662 coincidências (*match*) confirmadas,<sup>235</sup> sendo 2.088 entre vestígios (*forensic hit*) e 574 entre vestígio e indivíduo cadastrado criminalmente ou RMI (*offender hit*). Esses *matches* teriam auxiliado 1.977 investigações, isto é, o número de investigações em que os bancos de perfis genéticos agregaram valor à investigação.<sup>236</sup> A taxa de *match* está, até o final de 2020, em 17,49%, “calculada com base no número de coincidências encontradas dividido pelo total de perfis genéticos de vestígios cadastrados no BNPG.”

A natureza dos crimes mais observadas entre os *matches* nos oito últimos relatórios da RIBPG (maio/2017 a novembro/2020) foram os crimes sexuais, contra a vida e contra o patrimônio. Entretanto, as coincidências são comumente relatadas apenas entre os crimes

<sup>231</sup> BRASIL. RIBPG. **Manual De Procedimentos...et seq.**

<sup>232</sup> A quantidade de marcadores necessários varia à medida que os bancos de perfis genéticos se expandem, para fins de aumentar também a discriminação, como fez o EUA, em 2017, aumentando de 13 para 20 marcadores.

<sup>233</sup> A categoria de decisão judicial refere-se a amostras biológicas de referência que não se enquadram nas categorias de condenados e nem identificados criminalmente. Na última versão do manual da RIBPG, a categoria de RMI foi criada. Trata-se de amostras de indivíduos falecidos e identificados que podem ser incluídas no banco de perfis genéticos, mediante solicitação da autoridade policial ou judicial sob algumas hipóteses, salvo se condenado nos termos do art. 9-A, quando independerá de pedido. Os RMI só podem ser confrontados com a categoria de vestígios e a exclusão ocorrerá no prazo de 20 anos após a sua inserção ou se não houver mais interesse para fins de investigação (Conforme Resolução nº 11/2019-RIBPG). Há um Projeto de Decreto Legislativo n. 452, de 2019, para sustar os efeitos dessa Resolução, cuja justificativa principal é a violação do princípio da reserva de jurisdição. Cf. Disponível em:

<<https://www.camara.leg.br/proposicoesWeb/fichadetramitacao?idProposicao=2210485>>; BRASIL. RIBPG. **Manual De Procedimentos...et seq.**

<sup>234</sup> BRASIL. RIBPG. **Manual De Procedimentos...et seq.**

<sup>235</sup> As informações obtidas a partir de coincidências entre perfis genéticos devem ser consignadas em laudo pericial firmado perito oficial habilitado (art. 5º-A, §3º-A).

<sup>236</sup> Após ocorrer uma coincidência (*candidate match*), ela deve ser revisada, confirmada e classificada. O reprocessamento da amostra de referência é apenas recomendado. Uma investigação só pode ser auxiliada uma única vez, ainda que haja mais correspondências posteriores, e quando o caso envolvendo a coincidência encontrava-se sem solução. Por isso, o número de correspondências costuma ser superior ao número de casos auxiliados. Perfis de casos fechados só devem ser inseridos no caso de exclusão. Cf. BRASIL. RIBPG. **Manual De Procedimentos...et seq.**

sexuais e crimes patrimoniais,<sup>237</sup> sendo atualmente maiores em crimes sexuais do que em patrimoniais, tanto entre vestígios (65% contra 31%, respectivamente) quanto entre vestígios e indivíduos (54% contra 37%, respectivamente). As distribuições por tipo de crime podem variar à medida que os bancos estaduais são alimentados, bem como novos laboratórios são integrados à RIBPG.

Observa-se como o impacto em termos de *matches* e investigações auxiliadas está intimamente relacionado à quantidade, natureza e tempo de retenção dos perfis genéticos. Em razão disso, a atual composição dos crimes sujeitos à identificação criminal pelo perfil genético é vista, principalmente por integrantes do CG-RIBPG e pelo MJSP, como muito restritiva.<sup>238</sup> E, embora a recente alteração legislativa tenha restringido ainda mais o rol de crimes originalmente previsto com a exclusão da previsão de crimes hediondos, permanece um compromisso político de expansão da exigência de coleta de DNA.<sup>239</sup> Acredita-se que a ampliação da obtenção de perfis de referência aumentará a taxa de *matches* e, consequentemente, mais investigações serão auxiliadas.

À vista disso, vários Projetos de Lei (PL) encontram-se em trâmite no Congresso Nacional (CN). Citam-se, a seguir, alguns exemplos. O PL nº 3668, de 2019<sup>240</sup>, objetiva ampliar a coleta para os condenados por crimes equiparados aos hediondos. O PL nº 238/2019,<sup>241</sup> que

<sup>237</sup> Informações sobre as coincidências por tipo de crimes foram estimadas nos relatórios VI (mai/2017), VIII (mai/2018), X (mai/2019) XI (nov/2019), XII (mai/2020) e XIII (nov/2020) da RIBPG. A proporção de coincidências entre vestígios se manteve nesses relatórios. Esses resultados podem estar relacionados à maior composição de vestígios oriundos de crimes sexuais cadastrados. Até maio/2018, a composição do BNPG consistia em 56% de vestígios oriundos de crimes sexuais contra 19% oriundos de crimes patrimoniais. Já as coincidências entre vestígios e indivíduos eram mais comuns em crimes patrimoniais (~58%) do que em crimes sexuais (~42%) em 2019, invertendo essa taxa em 2020. Cf. BRASIL. RIBPG. **Relatório**. Brasília. Disponível em: <<https://www.justica.gov.br/sua-seguranca/seguranca-publica/ribpg/relatorio>>. Acesso em: 06 dez. 2020.

<sup>238</sup> Sobre as declarações, ver: Bancos de perfis genéticos ajudam no combate ao crime. Disponível em: <[https://www.youtube.com/watch?v=VEi5pu\\_Bk\\_Q](https://www.youtube.com/watch?v=VEi5pu_Bk_Q)>, a partir de 03:06min; Banco de perfis genéticos ajuda a revolucionar as investigações de crimes no Brasil. Disponível em: <<https://www.youtube.com/watch?v=sVPFiQ856QA>>, a partir de 7:14min. Ver também nota 200.

<sup>239</sup> JORNAL DA CIDADE ONLINE. **Banco de perfis genéticos: agora ninguém escapa da lei!**. 09.12.2019. Disponível: <<https://www.jornaldacidadeonline.com.br/noticias/17687/banco-de-perfis-geneticos-agora-ninguem-escapa-da-lei-veja-o-video>>. Acesso em: 21 dez. 2020; KADANUS, Kelli. Como a recusa do Congresso em ampliar o banco de DNA de condenados favorece o crime. **Gazeta do Povo**. 11.01.2020. Disponível em: <<https://www.gazetadopovo.com.br/república/banco-de-dna-condenados-retirado-pacote-anticrime-consequencias/>>. Acesso em: 21 dez. 2020.

<sup>240</sup> O PL nº 3668, de 2019 é de autoria do Deputado Helio Lopes (PSL/RJ). Os crimes equiparados incluem os crimes de tortura, tráfico ilícito de entorpecentes e drogas afins e terrorismo. A justificativa limita-se a mencionar a “alta potencialidade lesiva que possuem”.

<sup>241</sup> O PL nº 3668, de 2019 foi apensado ao PL nº 238/2019, de autoria do Deputado Júnior Ferrari (PSD/PA), atualmente em trâmite na Comissão de Segurança Pública e Combate ao Crime Organizado da Câmara dos Deputados. O PL propõe condicionar a concessão de livramento condicional, progressão de regime, saída temporária, substituição de pena privativa de liberdade por pena restritiva de direitos e a suspensão condicional da pena à identificação pelo perfil genético. Para a APCF, a aprovação desse PL proporcionará um avanço na detecção de crimes, como homicídio e estupro. Cf. APCF. **APCF defende projeto de lei sobre coleta de DNA de presos**. 22.08.2019. Disponível em: <<https://apcf.org.br/noticias/apcf-defende-projeto-de-lei-sobre-coleta-de-dna-de-presos>>. Acesso em 29 dez. 2020.



tem o apoio da APCF, visa a condicionar direitos da execução penal à identificação pelo perfil genético. O PL nº 4532/2020<sup>242</sup> propõe submeter todos os presos provisórios e condenados ao mesmo procedimento. O PL nº 483/2019<sup>243</sup> tem por objetivo reter o perfil genético de condenados pelo crime de estupro até a morte do agente. Outros PLs (nº 67/2018, 1781/2019 e 6025/2013)<sup>244</sup> propõem estabelecer um banco de perfis genéticos de toda a população e/ou com voluntários.

As propostas vão ao encontro das tendências de diversos países que expandiram consideravelmente o escopo dos bancos de perfis genéticos. Contudo, oferecem pouco ou nenhum exame crítico do valor de cada tipo de expansão ou mesmo do alcance dessa tecnologia, bem como dos seus impactos no sistema de justiça criminal. As motivações reproduzem discursos que potencializam os benefícios, embora sem embasamento empírico, e minimizam os riscos, o que tem sido conhecido como “minimalismo genético”,<sup>245</sup> em que tais artefatos biométricos são entendidos como vazios de quaisquer significados. As limitações e desafios da prova genética no contexto forense passam despercebidas pelas histórias de sucesso amplamente divulgadas nacional e internacionalmente.

Em todo o caso, nota-se que esse debate sobre os critérios de inclusão de perfis de referência envolve, de maneira mais direta, uma tensão entre eficácia e seletividade da legislação. As PLs ampliam ou reduzem essa seletividade, desde o foco em alguns outros tipos penais, a exemplo do tráfico de drogas, até contemplar toda a população. Em vista disso, André Giamberardino,<sup>246</sup> Natália Tavares et al.<sup>247</sup> apontam que um cadastramento de todos os cidadãos eliminaria o problema discriminatório da Lei em questão, além de ser muito mais efetivo, já que o objetivo é incrementar a segurança. Apesar de concordar com os referidos autores, na impossibilidade dessa medida, mesmo porque trata-se de um programa

<sup>242</sup> O PL nº 4532/2020, de autoria do Deputado Felício Laterça (PSL/RJ) foi apensado ao PL nº 3668/2019.

<sup>243</sup> O PL nº 483/2019, de autoria do Capitão Wagner (PROS/CE) também pretende obrigar esses condenados a informar o seu endereço atualizado, ainda que após o cumprimento da pena.

<sup>244</sup> Conferir PLS nº 67/2018, de autoria do Senador Cássio Cunha Lima (PSDB/PB), PL nº 1781/2019, de David Soares (DEM/SP) e o PL nº 6025/2013, de Rogério Peninha Mendonça - PMDB/SC.

<sup>245</sup> SCHIOCCHET, Taysa; DA CUNHA, Anita Spies; LAZZARETTI, Bianca Kaini. Bancos de Perfis Genéticos Para Fins de Perseguição Criminal: Implicações jurídicas à privacidade, intimidade e estigmatização genéticas. In.: SCHIOCCHET, Taysa; GARRIDO, Rodrigo Grazinolli. (Org.). **Bancos de perfis genéticos para fins de perseguição criminal**. Rio de Janeiro: Multifoco, 2018. p. 131.

<sup>246</sup> GIAMBERARDINO, *op. cit.*, p. 45.

<sup>247</sup> TAVARES; GARRIDO; SANTORO, *op. cit.*, p. 217-218.

governamental custoso e com recursos limitados,<sup>248</sup> Guilherme Nucci<sup>249</sup> defende que todos os condenados às penas privativas de liberdade deveriam ser geneticamente identificados.

Como são questões interligadas (eficácia e seletividade), antes de mais nada, é preciso saber *como* essa tecnologia contribui para o sistema de justiça criminal, principalmente considerando sua possível utilidade para um rol limitado de crimes (os que deixam vestígios biológicos). Excluem-se, por exemplo, os crimes de colarinho branco ou cibernéticos, que raramente envolverão DNA. A partir dessa investigação, é preciso se perguntar se existem critérios, racionais ou arbitrários, que justificam a seletividade dos crimes que se qualificam como cobrança para a coleta de DNA.

São questões, portanto, que demandam investigar os efeitos dos bancos de perfis genéticos frente aos objetivos pretendidos (terceiro capítulo), as diferentes formas ou práticas de investigação (quarto capítulo) e os impactos decorrentes das políticas de coletas de DNA e do funcionamento dessa tecnologia para, a partir dessas investigações, encontrar subsídios para a resposta ao problema inicialmente proposto (quinto capítulo).

---

<sup>248</sup> Rodrigo G. Garrido e Beatriz R. N. Costa estimaram um custo total da coleta e extração do perfil genético de condenados em cerca de R\$ 180,00, incluindo custos de materiais, mão-de-obra e operacionais (dentro do valor informado pela ANP no item 1.1.3). Igualmente, estimaram a necessária destinação de aproximadamente R\$ 45.301.860,00 para a tipagem de todos os condenados, considerando o rol do artigo 9-A, da LEP, antes das últimas alterações da Lei 13.964/19. Cf. GARRIDO, Rodrigo Grazinoli.; COSTA, Beatriz Rodrigues Neves da. O Banco Nacional de Perfis Genéticos: Uma Análise da Efetividade e Eficiência. **Revista Duc In Altum: Cadernos de Direito**. v. 12. p. 155-186. 2020. p. 178.

<sup>249</sup> NUCCI, *op. cit.*, p. 1031.

### 3. A EFICÁCIA DOS BANCOS DE PERFIS GENÉTICOS

---

Considerando que os bancos de perfis genéticos foram projetados para fornecer informações à polícia investigativa, em especial sobre quem pode ter estado presente e envolvido na cena do crime, que de outro modo seriam inalcançáveis, muitos são os fatores que afetam a sua utilidade: quantidade e qualidade de perfis forenses e perfis de referência, natureza dos crimes investigados, aproveitamento de material biológico, contexto investigativo, qualidade técnica das investigações, cooperação entre diferentes agências de controle formal etc.

As métricas atualmente disponíveis devem permitir identificar os resultados que se espera na utilização dessa tecnologia, permitindo também inferir se o tamanho (quantidade de perfis forenses e/ou de referência) dos bancos de perfis genéticos influencia no seu escopo. Explorar o papel que os bancos de perfis genéticos vêm desempenhando permite, nesse momento, compreender de que modo estão contribuindo para o sistema de justiça criminal. Para tanto, investigações empíricas foram necessárias e serão apresentadas e discutidas neste capítulo.

#### 3.1 Duas Premissas Sobre Métricas de Sucesso

Duas premissas são importantes para a compreensão dos índices de desempenho dos bancos de perfis genéticos: (i) a hipótese de que *a métrica fornecida pelo CODIS é insuficiente para medir os efeitos reais dessa tecnologia*; (ii) a hipótese de que *a utilidade dos bancos de perfis genéticos não aumenta, necessariamente, à medida que aumenta a quantidade de dados*. Essas premissas partiram de uma prévia análise sobre como medir os efeitos dos bancos de perfis genéticos, a seguir discutidas.

Com relação à *primeira premissa*, o sucesso do CODIS é medido pelo número de crimes que ele ajuda a resolver, fornecendo o número de coincidências e das respectivas investigações auxiliadas.<sup>250</sup> Em teoria, significa que os bancos de perfis genéticos forneceram uma informação adicional ao processo investigativo que, de outro modo, não haveria.<sup>251</sup> A taxa de

---

<sup>250</sup> Métrica fornecida pelo FBI. Conforme as estatísticas oficiais do NDIS, dos EUA, até novembro de 2020, o CODIS forneceu mais de 541.440 resultados, tendo auxiliado em mais de 528.887 investigações policiais. Cf. ESTADOS UNIDOS. FBI. **CODIS – NDIS Statistics**. Disponível em: <<https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis/ndis-statistics>>. Acesso em: 27 dez. 2020.

<sup>251</sup> JUNIOR, Ronaldo Carneiro da Silva; JACQUES, Guilherme Silveira. Ministério da Justiça e Segurança Pública. **Atualizações do Banco Nacional de Perfis Genéticos**. 04.12.2020. Disponível em:

probabilidade de *match* é uma forma comum de medir a eficácia dessa tecnologia.<sup>252</sup> A título de comparação, a taxa atual (2020) do BNPG é de 17,49%,<sup>253</sup> enquanto nos EUA e no Reino Unido essa taxa é de 40%<sup>254</sup> e 66%,<sup>255</sup> respectivamente. Uma alta taxa de *match* em países com bancos expansivos são vistos, muitas vezes, como exemplo de bons resultados.

Todavia, a taxa de probabilidade de *match* tem se mostrado insuficiente por partir de índices primários, além de utilizar conceitos mal definidos e de valor limitado para os efeitos gerais desses programas. A métrica não traz nenhum dado sobre *como* as investigações foram auxiliadas, quais os resultados dessas investigações, se as coincidências ou não coincidências foram fundamentais para a resolução do caso auxiliado, quantas coincidências levaram a crimes adicionais ou quais outros fatores são relevantes.<sup>256</sup> Logo, essa métrica avalia apenas a utilidade potencial – e não real – dos bancos de perfis genéticos.<sup>257</sup>

Os relatórios semestrais da RIBPG, por exemplo, não fornecem informações sobre quantas coincidências são frias (*cold*), quando não existe qualquer suspeita, quentes (*warm*), quando existe suspeita prévia, ou parciais (*partial match*). Também não consta quantas são coincidências de bancadas (*benchwork match*), isto é, quando a coincidência foi descoberta pelos peritos, e não pelo CODIS, mas contabilizado pelo *software* posteriormente, ou, ainda, quantas são informações investigativas (*investigative information*), que ocorrem quando o CODIS detecta um *no match*, ou seja, o suspeito é excluído pelo CODIS, mas foi útil para a

---

<<https://www.youtube.com/watch?v=gwSuOBnOdE8>>. Acesso em: 18 dez. 2020. (vídeo - informação verbal). 23:50min – 26:10min. Nesse vídeo, os peritos concordam que essa é uma boa métrica para medir a eficácia dos bancos de perfis genéticos.

<sup>252</sup> BUTLER, *op. cit.*, p. 272-273, 275.

<sup>253</sup> Significa a chance de obter um *match*. Relatório XIII, de Nov/2020. RIBPG. **Relatório**. Brasília. Disponível em: <<https://www.justica.gov.br/sua-seguranca/seguranca-publica/ribpg/relatorio>>. Acesso em: 06 dez. 2020. p. 35.

<sup>254</sup> Informação obtida da apresentação de Tim Schellberg, realizada entre 15-16 de junho de 2010, em Brasília. Ver nota 174.

<sup>255</sup> GOV. UK. Home Office. **National DNA Database Strategy Board Biennial Report 2018 – 2020**. London, September, 2020. Disponível em: <<https://www.gov.uk/government/collections/dna-database-documents#reports>>. Acesso em: 05 jan. 2020.

<sup>256</sup> BIEBER, *op. cit.*, p. 227; WALSH, Simon J. et al. Comparing the growth and effectiveness of forensic DNA databases. **FSI: Genetics Supplement Series**. v. 1. P. 667-668. 2008. Disponível: <<https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2007.11.011>>. Acesso em: 25 dez. 2020. p. 668; GABRIEL, Matthew.; BOLAND, Cherisse.; HOLT, Cydne. Beyond the Cold Hit: Measuring the Impact of the National DNA Data Bank on Public Safety at the City and County Level. **The Journal of Law, Medicine & Ethics**. v. 38. p. 396-411. 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1748-720X.2010.00498.x>. Acesso em: 02 jan. 2021. p. 397.; MURPHY, Erin E. **Inside the Cell: The Dark Side of Forensic DNA**. PublicAffairs. Edição do Kindle. cap. 16.; KRIMSKY, Sheldon; SIMONCELLI, Tania. **Genetic justice: DNA data banks, criminal investigations, and civil liberties**. Columbia University Press, 2010. (versão e-book). cap. 17.; WALSH, Simon J.; CURRAN, James M.; BUCKLETON, John S. Modeling forensic DNA database performance. **Journal of forensic sciences**. v. 55. p. 1174-1183. 2010. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1556-4029.2010.01426.x>>. Acesso em: 16 mar. 2021. p. 1175.

<sup>257</sup> AMANKWAA, Aaron Opoku; MCCARTNEY, Carole. The effectiveness of the UK national DNA database. **FSI: Synergy**. v. 1. p. 45-55. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.fsisyn.2019.03.004>>. Acesso em: 20 dez. 2020. p. 49.

investigação. Não se sabe quantas vezes um único *match* auxiliou mais de uma investigação ou<sup>258</sup> quantas coincidências entre perfis forenses levaram a uma identificação indireta.<sup>259</sup>

De acordo com Hellen H. Wallace,<sup>260</sup> o único país que mantém o registro de detecções, isto é, o número de crimes esclarecidos no qual um *match* estava disponível, é o Reino Unido. Porém, a última informação mais detalhada e atualizada é o relatório do *Biometrics Commissioner*, de 2017 (os últimos relatórios não contêm essas informações). No referido relatório, consta que, em 2015-2016, um *match* estava envolvido em 11.378 (0,3%) casos de um total de 3.775.365 registrados, representando 0,9% dos furtos de veículo, 1,4% dos roubos domésticos, 0,3% dos crimes sexuais e 8,4% dos homicídios resolvidos naquele ano. No entanto, se desconhece o papel que os *matches* exerceram no caso concreto ou se foram efetivamente utilizados.<sup>261</sup>

Como se nota, a falta de maiores informações não é exclusividade da RIBPG. Uma explicação para isso é a de que as informações sobre coincidências e investigações auxiliadas são fornecidas por laboratórios oficiais de perícia que administram os bancos de perfis genéticos e não por investigadores ou promotores de justiça que, em última instância, determinam a importância das informações obtidas por essa tecnologia. De acordo com o primeiro Chefe de Unidade do CODIS do FBI, Thomas Callaghan, esse sistema não foi projetado para dar essa resposta mais concreta, isto é, se os acertos estão resolvendo os crimes, mas apenas para fornecer uma informação aos investigadores.<sup>262</sup>

O rastreamento dos *matches* acaba sendo oneroso, visto que envolve o acompanhamento de centenas de autoridades policiais locais e sistemas judiciais.<sup>263</sup> As próprias forças policiais encontram dificuldades em medir a contribuição de materiais físicos, principalmente devido à falta de sistemas integrados de tecnologia e informação, dificultando o monitoramento do uso

<sup>258</sup> Excluíram-se dessa consideração as coincidências pendentes de confirmação ou de classificação estadual; pós-condenação (quando o caso já foi resolvido); as duplicadas; definidos pelo usuário 1, 2 e 3; as não coincidências; e entre gêmeos, considerando as regras de coincidências confirmadas e investigações auxiliadas, a qual determina que “uma coincidência confirmada auxilia uma investigação quando o caso envolvendo a coincidência encontrava-se sem solução.” Cf. BRASIL. RIBPG. **Manual De Procedimentos...** *op. cit.*, p. 8 e 13.

<sup>259</sup> Um *forensic hit* é contabilizado como investigação auxiliada ainda que os diferentes fatos permaneçam sem identificação do suspeito ou mesmo sem solução. Cf. CARVALHO, Nígela Rodrigues et al. The contribution of DNA databases for stored sexual crimes evidences in the central of Brazil. **Forensic Sci. Int. Genet.** v. 46. n. 102235. 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2020.102235>>. Acesso em: 29 dez. 2020.

<sup>260</sup> WALLACE, Helen. et al. Forensic DNA databases—Ethical and legal standards: A global review. **Egyptian Journal of Forensic Sciences.** v. 4. p. 57-63. 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.ejfs.2014.04.002>>. Acesso em: 04 jan. 2021. p. 57-58.

<sup>261</sup> WILES, Paul. **Annual Report 2016: Commissioner for the Retention and Use of Biometric Material.** Office of the Biometrics Commissioner, London, 2017. p. 11.

<sup>262</sup> WILLING, Richard. Many DNA Matches Aren't Acted On. **USA Today**, 21.11.2006. Disponível em: <[http://www.usatoday.com/news/nation/2006-11-20-dna-matches\\_x.htm](http://www.usatoday.com/news/nation/2006-11-20-dna-matches_x.htm)>. Acesso em: 02 jan. 2021.

<sup>263</sup> GABRIEL; BOLAND; HOLT, *op. cit.*, p. 397.

e valor dos acertos.<sup>264</sup> Todavia, sem esse monitoramento, os resultados reais não serão conhecidos. Nesse sentido, é preciso construir sistemas de rastreamento dos *matches*<sup>265</sup> e que essas informações estejam contidas nos relatórios da RIBPG.

A título de exemplo, uma pesquisa envolvendo 217 casos no Reino Unido, durante um período de quatro meses, a partir de novembro de 2001, identificou algumas razões pelas quais os *matches* não resultaram em detecções (esclarecimento dos crimes). As ações realizadas após o recebimento das notificações foram monitoradas. Em 54% dos casos, não havia provas suficientes para vincular o suspeito ao crime, além das correspondências, e investigações adicionais ainda eram necessárias. Em 21%, a correspondência pertencia a terceiros que não poderiam ser vinculados ao suspeito. Em 20%, havia a identificação do infrator, mas o caso não foi levado adiante. Por último, 5% decorreram de falhas no sistema ou administrativas.<sup>266</sup>

Sobre os motivos em cada categoria, mais da metade (54%) estava relacionada à reivindicação de acesso legítimo à cena (19%), provas insuficientes (16%), impossibilidade de conectar o indivíduo ao caso (12%) ou ainda estavam pendentes de conclusão (7%). Nos 21%, o perfil genético pertencia à vítima, testemunha ou terceiros sem vinculação (como proprietário anterior, no caso de roubo de veículo). Nos 20%, os perfis podiam estar relacionados a casos antigos, ‘desaparecimento’ de arquivos, ausência de interesse público (prescrição, por exemplo), indisponibilidade da vítima para prestar esclarecimentos ou outro suspeito já havia sido identificado. Em menor porcentagem (5%), as falhas decorriam de notificações perdidas de correspondências, relatórios não localizados, incorretos ou extraviados.<sup>267</sup>

Portanto, os *matches*, por si só, não fornecem informações reais do potencial dessa tecnologia, não sendo um parâmetro confiável na avaliação dos efeitos isolados dos bancos de perfis genéticos. Não obstante, números sobre a quantidade de investigações auxiliadas são utilizados como forma de divulgar o sucesso dessa tecnologia e legitimar o seu crescimento, nacional e internacionalmente.

A *segunda premissa* diz respeito às razões existentes para acreditar que quanto mais perfis genéticos são incluídos no banco de referência, mais suspeitos serão identificados. A lógica é simples. Em teoria, se toda a população estivesse cadastrada, todos os vestígios

<sup>264</sup> BRADBURY, Sarah-Anne; FEIST, Andy. **The use of forensic science in volume crime investigations: a review of the research literature**. Online Report 43/05. London: Home Office, 2005. p. 49-68.

<sup>265</sup> FORENSIC DNA EDUCATION FOR LAW ENFORCEMENT DECISIONMAKERS. Best Practices for Handling “Cold Hits”. Overview. Disponível em: <<https://projects.nfstc.org/fse/10/10-01.html>>. Acesso em: 05 fev. 2021.

<sup>266</sup> O estudo fez parte da avaliação da segunda fase do Programa de Expansão de DNA no Reino Unido (2000-2005). Cf. BRADBURY; FEIST, *op. cit.*, p. 49-68.

<sup>267</sup> BRADBURY; FEIST, *op. cit.*, p. 49-68.



biólogicos encontrados no local de crime seriam identificados, logo, quanto mais abrangente, mais crimes serão resolvidos,<sup>268</sup> e mais pessoas serão dissuadidas a não cometer crimes. Os autores dos PLs que objetivam a ampliação da política de coleta do DNA também partem dessa narrativa e, segundo Sheldon Krinski e Tania Simoncelli, talvez não tenha nenhuma outra mais universalmente aceita e sustentada do que essa em favor da expansão bancos de perfis genéticos.<sup>269</sup>

Essa teoria de “quanto mais melhor” é inferida a partir do aumento da taxa de *matches* à medida que os bancos de perfis genéticos são ampliados.<sup>270</sup> De acordo com Filipe Santos et al., os resultados dos *matches* estão condicionados, sobretudo, pelos critérios de inclusão de perfis genéticos e os prazos de retenção.<sup>271</sup> Especificamente no caso do Brasil, em que os bancos de perfis genéticos ainda estão sendo constituídos, haverá, inevitavelmente, um incremento inicial, uma vez que os resultados obtidos desta relação serão inéditos<sup>272</sup>. Algumas métricas foram desenvolvidas para avaliar o desempenho vs. expansão dessas bases em diferentes jurisdições, havendo divergências em como fazer essa medição.

Em 2008, Simon J. Walsh et al.<sup>273</sup> avaliaram o desempenho de quatro bancos de perfis genéticos, com base nos relatórios públicos, utilizando duas métricas de desempenho: taxa de *match* por perfis forenses carregados (HR) e a taxa de *matches* obtidos pelo total de perfis carregados (NS), para indicar o índice de retorno (RI). Os bancos de perfis genéticos NDIS (EUA), SDIS (Califórnia) e o NDNAD (UK) se enquadraram em um modelo quadrático, indicando crescimento possivelmente relacionado às políticas ampliadas de coletas de DNA. Já o *National DNA Data Bank of Canada* (NDDB) se encaixava em modelo próximo de linear de crescimento. Os autores não encontraram correlação significativa entre HR ou RI e o tamanho das bases de dados. Os resultados foram limitados pela fonte de dados utilizadas, relatadas pelos autores como medidas grosseiras de retorno até então disponíveis.

Posteriormente, em 2010, Simon J. Walsh et al.<sup>274</sup> desenvolveram o seguinte modelo de inferência para determinar o RI:  $H = N/C$ , onde H é o número de *matches*, N é o número de

<sup>268</sup> JACQUES, *op. cit.*, p. 4.

<sup>269</sup> KRINSKY; SIMONCELLI, *op. cit.*, cap. 17.

<sup>270</sup> NATIONAL INSTITUTE OF JUSTICE (NIJ) et al. *op. cit.*, p. 4.

<sup>271</sup> SANTOS, Filipe; MACHADO, Helena; SILVA, Susana. Forensic DNA databases in European countries: is size linked to performance?. **Life Sciences, Society and Policy**. v. 9. p. 1-13. 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.1186/2195-7819-9-12>>. Acesso em: 4 dez. 2020. p. 1.

<sup>272</sup> GARRIDO, Rodrigo Grazinoli. Crítica científica de “Investigação criminal genética – banco de perfis genéticos, fornecimento compulsório de amostra biológica e prazo de armazenamento de dados” - Apontamentos sobre a inconstitucionalidade da Lei 12.654/2012. **Revista Brasileira de Direito Processual Penal**. v. 4. p. 889-900. mai./ago. 2018. Disponível em: <<https://doi.org/10.22197/rbdpp.v4i2.163>>. Acesso em: 18 jan. 2021. p. 892.

<sup>273</sup> WALSH, *op. cit.*, p. 667-668, 2008.

<sup>274</sup> WALSH; CURRAN; BUCKLETON, *op. cit.*, p. 1174-1183.

perfis de referência e C é o número de perfis forenses. Um alto RI indica alto índice de retorno, isto é, máximo de *matches* por pessoa e amostra da cena do crime testadas. O modelo de RI foi testado nos SDIS (EUA), no NDNAD (UK), no NDDDB (Canadá) e no *National DNA Profile Databank* (DPD), da Nova Zelândia. Os resultados sugeriram (com limitações) que o número de retorno aumenta inicialmente com o carregamento de perfis genéticos, mas se estabiliza com o tempo, sugerindo que isso ocorre à medida que a “população criminosa ativa” se torna inativa.

O *ENFSI DNA Working Group*,<sup>275</sup> discordou do modelo de Simon J. Walsh et al. (2010), afirmando que o parâmetro (RI) é sempre inversamente proporcional ao tamanho dos bancos de perfis genéticos (NC). Logo, a métrica sugere, erroneamente, que bases maiores são menos eficientes do que as bases menores. O grupo, então, sugere dois parâmetros de desempenho: H/C, o número de coincidências entre perfis forenses e perfis de referência (*offender hits*) em relação ao número de perfis forenses cadastrados (esse é o parâmetro utilizado pela RIBPG atualmente) e O H/N, o número de *offender hits* em relação ao número de perfis de referência cadastrados.

O H/C expressa a chance de que um perfil forense corresponda a um perfil de referência, indicando que itens certos foram coletados na cena do crime. Portanto, H/C aumentará à medida que mais membros da população (criminosa) for cadastrada, mas se os perfis forenses forem excluídos, conforme fazem alguns países depois que o vestígio não tem mais importância, esse parâmetro não se torna confiável. O H/N expressa se pessoas certas (criminosos) estão sendo incluídas no banco de referência, uma vez que não faz sentido alocar recursos para incluir pessoas que não causarão *matches*, conclui o grupo.<sup>276</sup>

Seguindo as orientações de Simon J. Walsh et al. (2010) e do *ENFSI DNA Working Group*, Filipe Santos et al.<sup>277</sup> utilizaram o parâmetro H/N para avaliar o desempenho de 22 bancos de perfis genéticos dos países membros da União Europeia. As respectivas legislações foram analisadas para dividir dois grupos em restritivos<sup>278</sup> e expansivos<sup>279</sup>, conforme os critérios de inclusão e tempo de retenção de perfis (cobranças graves vs. cobranças por qualquer

<sup>275</sup> ENFSI. ENFSI DNA Working Group. **DNA Database Management Review and Recommendations**. April, 2017. Disponível em: <<https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2017/09/DNA-databasemanagement-review-and-recommendations-april-2017.pdf>>. Acesso em: 01 dez. 2020. p. 27-30.

<sup>276</sup> Uma avaliação utilizando o parâmetro H/C identificou que o NDNAD (UK) teve o valor mais alto em Junho de 2016. Cf. ENFSI, *op. cit.*, p. 27-30.

<sup>277</sup> SANTOS; MACHADO; SILVA, *op. cit.*, p. 1-13. 2013.

<sup>278</sup> Países com legislação classificados como restritivos: Bélgica, França, Alemanha, Hungria, Irlanda, Itália, Luxemburgo, Holanda, Polónia, Portugal, Romênia, Espanha e Suécia.

<sup>279</sup> Países com legislação classificados como expansivos: Áustria, Dinamarca, Estônia, Finlândia, Letônia, Lituânia, Escócia, Eslováquia e Reino Unido (Inglaterra e País de Gales).

crime e retenção limitada vs. retenção por longos períodos). Informações sobre a quantidade de perfis cadastrados e taxa de correspondência foram extraídos do relatório de 2011 do ENFSI.

As diferenças foram comparadas com o teste Mann-Whitney e não foram estatisticamente significativas entre as políticas restritivas (0,095%) e expansivas (0,100),  $p = 0,567$ . Os resultados indicaram que o desempenho dos bancos de perfis genéticos, em termos de *offender hits* não está vinculado ao tamanho em termos de inclusão de indivíduos. O estudo é limitado por não levar em conta as práticas policiais locais, a efetiva aplicação da legislação, a data da implementação dos bancos de perfis genéticos, os métodos de contagem de *matches*, índices de criminalidade ou mudanças nas legislações ao longo do tempo.

De acordo com Simon J. Walsh et al.<sup>280</sup>, essas avaliações são prejudicadas por vários fatores, como o tamanho e a idade dos bancos de perfis genéticos. Amostras irrelevantes (como da vítima ou transeunte, por exemplo) acabam permanecendo em grande parte nos bancos de vestígios ou amostras relevantes de casos antigos que são difíceis de resolver. Os bancos de referência acabam sendo compostos por suspeitos conhecidos, infratores e não infratores ou infratores que se tornam inativos (“se aposentam”, morrem ou estão presos). Também há um pequeno acúmulo de amostras duplicadas. E todos esses fatores tornam mais difícil a comparação.

Levando em conta essas considerações, Amankwaa e Carole McCartney<sup>281</sup> sugerem filtrar a taxa de desempenho por categoria de retenção, tempo de retenção e tipo de crime em um único Estado. Outro programa poderia utilizar ambas as métricas (H/C e H/N) para diferentes regimes, os quais podem oferecer novas compreensões da eficácia potencial dos bancos de perfis genéticos. Mas como essas métricas medem apenas o potencial dessa tecnologia, inferindo a relação entre o tamanho e a taxa de *matches* obtidos, a relação entre o tamanho dos bancos de perfis genéticos e a detecção de crimes permanecerá desconhecida.

Contudo, cumpre frisar que, como as métricas tem suas limitações, se não é possível afirmar que o tamanho está relacionado a uma melhor taxa de desempenho, também não é possível afirmar o contrário, mas apenas que não se demonstrou ainda uma relação direta entre tamanho e desempenho. Na falta imediata de informações mais precisas, a única forma de identificar a contribuição dos bancos de perfis genéticos é rastreando, empiricamente, os resultados dos *matches* e sua correlação com casos concretos.

---

<sup>280</sup> WALSH; CURRAN; BUCKLETON, *op. cit.*, p. 1174-1175.

<sup>281</sup> AMANKWAA; MCCARTNEY, *op. cit.*, p. 52.

### 3.2 Estudos Sobre Eficácia dos Bancos de Perfis Genéticos

O desempenho dos bancos de perfis genéticos pode ser medido em relação aos seus propósitos:<sup>282</sup> identificar suspeitos corretamente, dissuadir indivíduos e incapacitá-los a reincidir. Portanto, a métrica da *eficácia*, isto é, o nível em que os resultados atendem às expectativas, foi a métrica escolhida para a seleção dos estudos empíricos. Conforme descrevem Aaron O. Amankwaa e Carole McCartney<sup>283</sup>, um banco de perfis genéticos *eficaz* deve contribuir para o esclarecimento, prevenção e repressão de crimes, fornecendo uma contribuição líquida para o sistema de justiça criminal.

Nesta seção, será apresentada uma visão geral da literatura encontrada sobre a eficácia dos bancos de perfis genéticos e as principais descobertas dos pesquisadores. Em síntese, os 24 estudos foram conduzidos nos Estados Unidos (n = 17), Brasil (n = 3) Reino Unido (n = 1), Canadá (n = 1), Dinamarca (n = 1) e Holanda (n = 1). Para facilitar a leitura, os estudos foram divididos por indicadores de avaliação, os quais se relacionam com os propósitos dos bancos dos perfis genéticos,<sup>284</sup> e serão enumerados ao lado do nome do(s) pesquisador(es) para facilitar a análise posterior. As informações gerais foram compiladas no apêndice B por ordem numérica de estudo.

O primeiro indicador é a *contribuição para a detecção de crimes*<sup>285</sup> e foi composto por 18 estudos, divididos em cinco grupos por natureza de crimes pesquisados: (i) variedade de crimes (n = 01-04); (ii) crimes de homicídio (n = 05-06); (iii) crimes contra a propriedade (n = 07-11); (iv) crimes sexuais (n = 06; 12-16) e (v) correlação entre crimes (n = 17-19). O segundo indicador é o efeito *dissuasor* e foi composto por 04 estudos (n = 20-23). O terceiro indicador é o efeito *incapacitante* e foi composto por um estudo (n = 01). O quarto e último indicador é o papel *exonerante* e foi composto por uma pesquisa própria (n = 24). Três estudos (01; 06 e

<sup>282</sup> STRUYF, Pia et al. The effectiveness of DNA databases in relation to their purpose and content: A systematic review. **Forensic science international**. v. 301. p. 371-381. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2019.05.052>>. Acesso em 18 jan 2021.

<sup>283</sup> Portanto, não foi avaliada a *eficiência*, o valor dos resultados em comparação aos sistemas alternativos ou de custo-benefício. Um *eficiente* sistema de bancos de dados deve fornecer melhor resultado do que sistemas alternativos, como as impressões digitais, ou os seus custos devem merecer contribuição necessária. Logo, os resultados e informações referente às comparações com outros bancos de dados ou análises de custo-benefício incluídos nos estudos não serão mencionados. Cf. AMANKWAA; MCCARTNEY, *op. cit.*, p. 46.

<sup>284</sup> Amankwaa e McCartney, após uma análise de literatura, identificaram sete indicadores pelos quais os bancos de perfis genéticos podem ser avaliados: capacidade de solucionar crimes, a incapacitação prolongada, capacidade de dissuasão, proteção de privacidade, legitimidade, eficiência de implementação e de custo de implementação. Todavia, nessa pesquisa, a análise da eficácia está voltada aos propósitos específicos. Cf. AMANKWAA; MCCARTNEY, *op. cit.*, p. 47.

<sup>285</sup> O os bancos de DNA têm como característica principal a detecção de crimes, mais do que a resolução, que não deixa de prescindir de outras técnicas de investigação empregadas pela polícia. Cf. RICHTER, *op. cit.*, p. 126.

21) foram divididos em dois, uma vez que a pesquisa publicada continha mais de um estudo realizado, porém, foi mantida a numeração.

A apresentação dos estudos, nesta seção, será exclusivamente descritiva, contendo informações unicamente dos pesquisadores. A análise será feita apenas na próxima seção (3.3). As descrições dos estudos foram realizadas com enfoque no objetivo pretendido por eles, na metodologia adotada, nos resultados alcançados, nas conclusões aferidas e nas considerações dos pesquisadores, nesta ordem. Alguns termos foram mantidos na nomenclatura original por falta de tradução para o português, como os crimes *burglaries*,<sup>286</sup> *robbery*,<sup>287</sup> *theft*.<sup>288</sup> Também foram utilizados os termos *forensic hits* (correspondências entre vestígios) e *offender hits* (correspondências entre vestígios e indivíduos) para facilitar a descrição dos estudos, cujos termos também são utilizados pela RIBPG.

O primeiro e principal indicador é a contribuição dos bancos de perfis genéticos para a *detecção de crimes*. Nesses estudos, foi possível observar as principais etapas do processo investigativo<sup>289</sup> na avaliação de desempenho dessa tecnologia, a saber: (i) taxa de coleta do material biológico; (ii) taxa de extração do perfil genético elegível para o CODIS; (iii) taxa de *matches* obtidos, (iv) taxa de identificação; (v) taxa de exclusão; (vi) taxa de prisão; e (vii) taxa de acusação. A taxa de condenação não é recomendável para avaliar o desempenho dos bancos de perfis genéticos por envolver a análise de outras provas no julgamento do caso penal.<sup>290</sup>

Um primeiro grupo de quatro estudos avaliou a contribuição efetiva dos bancos de dados para uma variedade de crimes. Matthew Gabriel et al. (01)<sup>291</sup> estudaram os resultados de 164 *offender hits* e 34 *forensic hits* entre 2001 e 2006 na Unidade de Biologia Forense do Departamento de Polícia de São Francisco, EUA, com o fim de identificar o desempenho do CODIS e as implicações para a segurança pública. Os autores utilizaram duas métricas de desempenho: (i) o valor probatório e (ii) a progressão e resolução do caso.<sup>292</sup> A maioria dos casos (88%) envolveu crimes sexuais (n = 110/56%), *burglaries* (n = 42/21%) e homicídios (n = 24/12%) ou diversos (n = 22/10%).

Na primeira métrica, os autores frisaram que 90% dos *matches* forneceram pistas substanciais aos investigadores. Nos crimes sexuais, todos os 85 *offender hits* foram resolvidos

<sup>286</sup> São crimes contra a propriedade ocorridos em locais comerciais ou casas residenciais.

<sup>287</sup> São crimes contra a propriedade em que a vítima está presente, com uso de força.

<sup>288</sup> São crimes contra a propriedade nos demais casos que não envolve *robbery* ou *burglary*.

<sup>289</sup> Não necessariamente incluso entre um estudo e outro.

<sup>290</sup> AMANKWAA; MCCARTNEY, *op. cit.*, p. 47.

<sup>291</sup> GABRIEL; BOLAND; HOLT, *op. cit.*, p. 396-411. 2010.

<sup>292</sup> A terceira métrica analisada pelos autores (redução potencial de atividade futura) será analisada no indicador incapacitante.

principalmente, senão exclusivamente, com o uso dos bancos de perfis genéticos. Nos 25 *forensic hits*, em menos de 1/3 ( $n = 8$ ) o suspeito não foi identificado ou foi identificado por meios tradicionais de investigação. Com relação aos crimes de *burglaries*, dos 75 casos analisados, apenas fora relatada a taxa de *cold hits* de 72%, resultando nos 42 *cold hits* inclusos, sem maiores informações. Em 22 dos 24 casos de homicídio, ocorridos entre 1968 e 2005, resultaram em *cold hits* (~92%), com 2 casos interestaduais.

Na segunda métrica, até a finalização do estudo, os casos foram solucionados em quase 40% dos 198 pesquisados. Outros 28% dos casos ainda aguardavam julgamento ou as investigações continuavam em andamento, podendo o potencial de resolução chegar a ~65% dos casos. E dos 32% remanescentes, a maioria dos casos foi rejeitada, estava sem andamento por falta de provas suficientes ou o sujeito havia sido absolvido (apenas um caso).<sup>293</sup> Portanto, os autores concluíram que as buscas nos bancos de perfis genéticos são extremamente eficazes na obtenção de várias ligações entre *forensic* e *offender hit*. Porém, os autores salientaram que a expansão dos bancos de perfis genéticos era necessária para aumentar a capacidade de contribuição para a segurança pública.

Em sua pesquisa, Alisson Brown (02)<sup>294</sup> investigou os resultados de 1.000 CODIS *hits* de 1.719 ocorrências obtidas até o ano de 2005 do Laboratório Criminal da Polícia do Estado de Oregon, EUA. O autor utilizou quatro sistemas, incluindo o CODIS, contendo informações sobre o indivíduo, sobre o caso e sobre as correspondências. Uma limitação para os resultados foi a falta de informações em 27,7% ( $n = 277$ ) dos casos, podendo estar relacionado às informações incorretas no sistema, ausência de relatório ou por falta de investigação.

A maioria das correspondências se referiam a *burglary* (48,9%); crimes sexuais (16,2%); uso não autorizado de veículo automotor (8,5%), *theft* (7,8%), *robbery* (6,9%) homicídio (4,6%) ou diversos (7,1%). Não foi incomum ver um lapso entre a data do fato e a data do *match*. Do resultado de 723 (72,3%) casos restantes, 30,7% tiveram condenações; 20,1% foram *forensic hits*, 11,3% foram arquivados; 4,1 % ainda estavam abertos; 3,1% foram NDIS *hits*, 1,7% os suspeitos eram procurados; 0,4% foram suspensos; 0,3% houve absolvição; 0,2% não tiveram acusações apresentadas; e em 0,4% a pessoa nunca foi um suspeito, uma acusação foi apresentada (incluindo por crime menos grave) ou o suspeito estava no hospital.

<sup>293</sup> O caso foi rejeitado em ~50% dos crimes sexuais, ~8% nos crimes de roubo e em ~22% nos demais. Apenas em um caso de roubo o acusado foi inocentado.

<sup>294</sup> BROWN, Allison A. **A Study of the Efficiency of the Combined DNA Index System for the Oregon State Police**. Dissertação (Master of Science) - Health Science Center at Fort Worth, University of North Texas, Texas, 2007. Disponível em: <<https://hdl.handle.net/20.500.12503/29589>>. Acesso em: 02 jan. 2021.



O autor constatou um problema comum com relação à não investigação dos casos após um CODIS *hit*. Também constatou várias ocorrências envolvendo um único suspeito, apontando possíveis reincidências (um ponto forte do CODIS). Mas a maioria desses casos só foi investigada após uma ligação entre o crime atual e vários anteriores. Diante disso, o autor, como forma de solução, sugeriu obrigar os laboratórios ou as autoridades policiais, via legislativo, a acompanhar os *matches* ou terceirizar esse trabalho.

Anna Mapes et al. (03)<sup>295</sup> investigaram a taxa de identificação de um suspeito, monitorando a quantidade de perfis utilizáveis, o tempo de processamento da tipagem de DNA e os resultados de *cold hits*. Os pesquisadores analisaram 116 casos de crimes graves (SC) e 2.791 casos de crimes de alto volume (HVC) em que a investigação forense foi conduzida, no ano de 2011, na região policial de Kennemerland, Holanda. Um vestígio foi recuperado em 243 casos. A maioria (83%) tratava-se de casos envolvendo roubo, furto e cultivo de *cannabis*.<sup>296</sup>

O tempo de processamento da amostra levou em média 66 dias para os casos SC e 44 dias para HVC. Foram selecionados 67 casos SC, contendo 384 amostras de DNA e 176 casos HVC, contendo 386 amostras de DNA. Em 53 casos SC e 113 casos HVC, pelo menos um perfil genético foi obtido. Desses, em 11 casos SC e em 39 casos HVC um *offender hit* foi obtido e em 18 casos HVC um *forensic hit* foi obtido. Entretanto, 4 casos SC e 25 casos HVC resultaram em *cold hit*. Nos demais casos de *offender hit*, as autoridades já haviam efetuado um flagrante ou o suspeito já havia sido identificado por outros meios (*warm hit*).

Os dados mostraram que em 3% dos casos SC e em 1% dos casos HVC os *matches* renderam um *cold hit*. É uma perspectiva pouco otimista do uso dos bancos de perfis genéticos para o sistema de justiça criminal, não obstante o relatório anual de 2012 ter relatado uma taxa de 50% para *offender hit* (*cold* e *warm hit*). Ao final, ressaltaram que o tempo relativamente longo para o processamento das amostras pode resultar em informações irrelevantes como ferramenta investigativa, cujas provas acabam sendo obtidas por outros meios.

Um estudo conduzido no *Institute for Law and Justice* (ILJ), por Tom Mcewen (04),<sup>297</sup> buscou determinar o papel e o impacto das provas forenses na investigação, incluindo o DNA,

<sup>295</sup> MAPES, Anna A.; KLOOSTERMAN, Ate D.; DE POOT, Christianne J. DNA in the criminal justice system: the DNA success story in perspective. **Journal of forensic sciences**. v. 60. p. 851-856. 2015. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/1556-4029.12779>>. Acesso em: 01 jan. 2021.

<sup>296</sup> Dos 67 casos de SC, os crimes foram: 29 assaltos à mão armada, 8 incêndios dolosos, 8 agressões sexuais, 5 incidentes com tiroteio, 3 incidentes de facada, 3 ameaças, 3 tentativas de homicídio, 2 roubos violentos, 2 tráficos de drogas, 2 maus-tratos, 1 homicídio e 1 pessoa não identificada. Já dos 176 casos de HVC, os crimes foram: 119 roubos, 24 cultivos ilegais de *cannabis*, 12 tentativas de assaltos, 15 furtos, 4 vandalismos e 2 incêndios culposos.

<sup>297</sup> MCEWEN, Tom. The role and impact of forensic evidence in the criminal justice system, final report. Washington, DC: **National Institute of Justice**. 2011. O estudo também avaliou, separadamente, casos em Denver, Colorado, com as mesmas metodologias. Optou-se por transcrever apenas o estudo da Califórnia por incluir maior quantidade de casos envolvendo homicídio. O estudo também avaliou o impacto das provas forenses

rastreando os casos em que essas amostras foram coletadas, em San Diego, Califórnia. Os crimes incluídos na análise foram 116 homicídios, 377 sexuais, 2.468 agressões, 1.848 *robbery* e 7.462 *burglary*, ocorridos entre 2005 e 2006. No entanto, o estudo não demonstrou qual foi o papel desempenhado pelos resultados obtidos pelo CODIS.

De um ponto de vista geral, correspondências entre perfis genéticos foram obtidas em mais de 30% dos casos, variando de 25% em *robberies* para 33,3% em homicídios. As exclusões (ausência de ligação entre o suspeito e a cena do crime) foram obtidas em mais de 20% dos casos, variando de 10,2% dos *burglaries* para 31,5% dos homicídios. Nos casos encerrados, uma prisão tende a ser feita antes dos resultados dos testes de DNA para todos os tipos de crime, embora com pequena diferença, com exceção do homicídio (o dobro).

No mesmo projeto do ILJ, um segundo experimento foi conduzido no Departamento de Polícia de Miami-Dade (MDPD) para determinar se a redução do tempo de processamento das amostras aumentaria as taxas de esclarecimento (identificação e prisão) de crimes contra a propriedade sem suspeitos. Três grupos de casos foram divididos para comparação: 602 casos *rápidos*, ocorridos entre janeiro de 2007 e julho de 2008, com carregamento no CODIS, em média, de 106 dias; 237 casos *lentos*, ocorridos de janeiro a julho de 2006, processados quando houvesse tempo; e 582 de *controle*, ocorridos entre janeiro de 2005 a janeiro de 2006, de amostras acumuladas, com retorno, em média, de 191 dias.

As taxas de esclarecimentos por *matches* foram de 29,4% para os casos *rápidos* (50 de 170 CODIS *hits*), 38% para os casos *lentos* (27 de 71 CODIS *hits*) e 29,8 % para os casos de *controle* (54 de 181 CODIS *hits*). Os resultados demonstraram que o tempo de processamento não impactou nos resultados (8,4%, 11,5% e 9,3% de liberação no total de casos, respectivamente). De forma geral, os autores concluíram que sistemas como o CODIS são benéficos em casos não resolvidos e sem suspeitos, principalmente em crimes patrimoniais.

No segundo grupo, dois estudos focaram exclusivamente nos crimes de *homicídio*. No primeiro, Dale Weidman (05)<sup>298</sup> investigou o impacto da utilização do DNA para solucionar esses crimes. Foram examinados todos os 53 casos entre 2011 e 2015, investigados pela Unidade de Homicídios do Departamento de Polícia de Vancouver, Canadá.<sup>299</sup> Dos 53 casos, 39 (74%) foram considerados resolvidos, próximo da taxa nacional (75%). Da relação entre

---

no julgamento dos réus, porém, não foi individualizada cada um dos tipos de materiais, motivo pelo qual os resultados não foram aqui mencionados.

<sup>298</sup> WEIDMAN, Dale. **Does DNA and Video Surveillance Assist in Solving Homicides**. 2017. Master's Thesis, University of the Fraser Valley, Abbotsford, BC, Canada. Disponível em: <<https://ufv.arcabc.ca/islandora/object/ufv%3A5513>>. Acesso em: 10 jan. 2021.

<sup>299</sup> Segundo o autor, a taxa de homicídios no Canadá é baixa, representando 1% de todos os crimes na última década, uma média de 557 assassinatos por ano entre 2011 e 2015.

vítima-autor, uma minoria envolveu desconhecidos (10/19%) em comparação a conhecidos/amigos da família (25/47%), conhecidos de “gângues” (15/28%) ou relacionados a drogas (3/6%).

Em todos os casos, uma equipe forense compareceu ao local, mas nenhum DNA foi localizado em 11 dos 14 casos não resolvidos, provavelmente pelo modo de execução (tiro em local público). Em 1 caso um *forensic hit* foi obtido, mas sem identificação do suspeito. Em dois casos, um *offender hit* foi obtido, porém, a polícia já tinha conhecimento acerca da identidade dos suspeitos. Dos casos resolvidos, apenas em um caso o suspeito foi confirmado após um *offender hit*, cuja identidade também já era conhecida. Nos demais casos, o DNA contribuiu para confirmar o que os investigadores já sabiam, solicitando o DNA diretamente do suspeito, ou seja, o DNA contribuiu, mas não na extensão dos bancos de perfis genéticos.<sup>300</sup>

No segundo estudo, Joseph Peterson et al. (06)<sup>301</sup> avaliaram o papel desempenhado por provas científicas, incluindo DNA, no processamento da justiça criminal. O estudo incluiu 400 casos de homicídio, selecionados aleatoriamente, ocorridos em 2003, em cinco jurisdições nos EUA. O principal método foi uma análise prospectiva de registros oficiais dos casos criminais. Mais da metade (55%) envolveu estranhos, todavia os autores ressaltam que a média geral é de 50%. Vestígios biológicos foram coletados em 153 casos (38,3%) de um total de 388 (97,0%) vestígios coletados, mas efetivamente examinados em 25,5% (n = 102) dos casos. Das 209 identificações, o DNA contribuiu com 5 delas (2,4%). Três casos tiveram perfis carregados no CODIS e não resultando em nenhum *match*. Das 216 prisões com provas forenses (55,7%), 12% (n = 26) foram analisadas anteriormente à prisão.

No terceiro grupo, cinco estudos focaram a influência dos bancos de perfis genéticos em crimes *contra a propriedade*. A segunda etapa<sup>302</sup> do projeto de John Burrows et al. (07) procurou monitorar a detecção de crimes de alto volume (*burglaries* e furto de veículos), com

<sup>300</sup> Por outro lado, a utilização de vídeos obtidos do local ou perto do local do crime contribuíram para a resolução em 72% dos casos, seja identificando o suspeito, identificando testemunhas que forneceram a identidade do suspeito ou simplesmente o modo de execução do fato.

<sup>301</sup> PETERSON, Joseph et al. The role and impact of forensic evidence in the criminal justice process. **National Institute of Justice**. p. 1-151. 2010. O estudo também avaliou o impacto das amostras biológicas em crimes contra a propriedade e agressões, porém, nesses crimes o impacto do CODIS não foi avaliado. Por esse motivo, não foram incluídos na amostra.

<sup>302</sup> A primeira etapa não foi incluída por tratar-se de uma estimativa geral da contribuição do material forense para a identificação de suspeitos. Em um modelo estatístico, os autores estimaram que de cerca de 612 mil casos visitados por *Scenes of Crime Officers* (SOCOs) anualmente (cerca de 1/3 de 1,8 milhões de crimes registrados), um percentual de 4% resultará em uma identificação ou correspondência pelo perfil genético. Isso implica que os bancos de perfis genéticos contribuíram para a obtenção de ~14% dos 176.800 (9,8%) crimes esclarecidos na Inglaterra e no País de Gales, no ano anterior a 31 de março de 2001, e em ~1,36%, em termos de contribuição geral (n = 24.441). Cf. BURROWS, John et al. **Forensic Science Pathfinder project: evaluating increased forensic activity in two English police forces**. Online Report 46/05. London: Home Office, 2005.

o uso de cinco materiais forenses, incluindo o DNA.<sup>303</sup> Nesse caso, foi realizado um exercício de rastreamento (avaliação policial relatando qual a contribuição do material forense e exercício de resultados) de todas as identificações/correspondências (n = 1.719), no período entre junho de 2000 e maio de 2001, em sete divisões policiais de *Pathfinder*, no Reino Unido.

Das 1.719 notificações, 1.703 formulários foram emitidos (DNA representando 24%), dos quais 1.208 foram devolvidos. Em 73% dos casos (n = 883), os policiais relataram que a identificação/correspondência contribuiu para construir o caso contra o suspeito, sendo que em 75% (n = 666) a ligação forense foi essencial e em 45% a identificação provou ser a primeira ligação com o suspeito (desses, o DNA representou 46%). Nos demais casos, o suspeito já havia sido identificado por outros meios. Infelizmente, o DNA não foi analisado isoladamente.

Os autores também identificaram três causas principais em 27% (n = 325) pelas quais as correspondências não levaram a uma solução do caso. Desses, em ~60% o suspeito alegou um motivo legítimo para estar no local dos fatos. Em 14% o suspeito não foi localizado. Nos casos restantes (26%), as explicações mais frequentes relataram uma correspondência parcial ou ausência de interesse público em prosseguir. Em 17% dos casos esclarecidos (n = 147), a identificação forense (DNA representando 22%) levou a uma detecção adicional (n = 420 crimes), uma média de 1,5 detecções adicionais. Com base nisso, os autores pontuaram que as identificações que não solucionaram o crime são compensadas pelas detecções extras.

Simon Ashikhmin et al. (08)<sup>304</sup> avaliaram a eficácia da análise de DNA, utilizando o CODIS, em crimes contra a propriedade em Denver, EUA, no ano de 2006. Os autores analisaram e compararam vários aspectos dos crimes de forma quantitativa e capturaram os dados relevantes sobre a quantidade de acusações feitas e a contribuição do CODIS para essas acusações. Durante o período alvo, 6.538 roubos foram registrados, sendo que em 400 casos (~7%) continham materiais biológicos. Desses, 340 perfis genéticos foram carregados no CODIS.

Até a finalização do estudo, de 199 *matches* (155 *offender* e 44 *forensic hit*) obtidos, em 172 desses casos, houve uma acusação, dos quais 77 foram baseados em *offender hits* (desses, 40 eram indivíduos multirreincidentes) e 53 contra *John Doe*.<sup>305</sup> Logo, em 24% (n=42) dos

<sup>303</sup> Os cinco materiais forenses foram: impressão digital, DNA convencional (SGMPlus), DNA LNC (*Low Copy Number*), calçados e marcas de ferramentas. Os dados referentes aos dois tipos de DNA foram somados.

<sup>304</sup> ASHIKHMIN, Simon et al. Effectiveness and Cost Efficiency of DNA Evidence in Volume Crime Denver Colorado Site Summary. **Denver, CO: Denver District Attorney's Office & Denver Police Department Laboratory Bureau**. 2008.

<sup>305</sup> Termo utilizado para uma solicitação de mandado de prisão contra um suspeito não identificado. Tradicionalmente apresentados com base na descrição física ou pseudônimo de um suspeito, promotores e investigadores também passaram a utilizar o perfil genético do provável suspeito. Essa estratégia interrompe a

casos processados os elementos probatórios se basearam em investigações tradicionais e em mais de 76% (n=130) o perfil genético foi essencial para a construção do caso. De um total de 491 casos aceitos para acusação, os 130 casos resultaram em aproximadamente 5,5 vezes a taxa de acusação (32,5%) em comparação com as investigações tradicionais (5,9%/361).

Outro dado importante foi o tempo médio de encarceramento no Departamento de correções do Estado do Colorado relatado. Das pessoas condenadas por *burglaries*, esse tempo foi de ~1,4 anos, quando identificados por meios tradicionais, contra ~13,9 anos, quando identificados por meio de perfil genético. Em *commercial burglars*, os números são inferiores a 2 meses contra 4,6 anos, respectivamente. Logo, as sentenças mais longas nesses casos no qual o CODIS foi utilizado são o resultado do direcionamento a um tipo específico de criminoso, o reincidente, isto é, aqueles que terão maior impacto na sociedade.

Um dos principais estudos foi produzido por John Roman et al., (09),<sup>306</sup> um estudo prospectivo e randomizado em relação ao uso do DNA para solucionar crimes contra a propriedade (*burglaries* e furto de veículos). Amostras biológicas foram coletadas em até 500 cenas de crimes em cinco Cidades dos EUA, entre dezembro de 2005 e julho de 2007. Após a coleta, os casos foram atribuídos aleatoriamente a um grupo de 1.079 casos de tratamento e 1.081 casos de controle. Nos casos de tratamento, vestígios de DNA foram processados e comparados nos bancos de perfis genéticos. Nos casos de controle, vestígio de DNA foram processados após 60 dias. Técnicas de investigação tradicional foram empregadas em ambos.

Dos casos de tratamento, 70,3% geraram um perfil genético e 54,7% foram carregados no CODIS. Em 23,3% um *match* foi obtido. Um suspeito foi identificado em 19,4% dos casos (16,4% *offender hits* e 3% *forensic hits*) via CODIS contra 12,8% nos casos de controle. Um suspeito foi preso via CODIS em 14,4% dos casos em comparação a 10,1% nos casos de controle e foram processados em 13% dos casos (n=140) em comparação a 8,1%, respectivamente, incluindo *John Doe* arquivados e, portanto, sem prisões realizadas.<sup>307</sup> A principal descoberta foi a de que o uso de DNA na investigação de crimes contra a propriedade aumenta a taxa em que os suspeitos são identificados, presos e processados.<sup>308</sup>

---

prescrição do crime, bem como permite que buscas nos bancos de perfis genéticos sejam realizadas. Cf. NATIONAL INSTITUTE OF JUSTICE (NIJ) et al. *op. cit.*, p. 05-10.

<sup>306</sup> ROMAN, John K. et al. The DNA field experiment: a randomized trial of the cost-effectiveness of using DNA to solve property crimes. **Journal of Experimental Criminology**. v. 5. p. 345-369. 2009. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s11292-009-9086-4>>. Acesso em: 05 jan. 2021.

<sup>307</sup> A título de curiosidade, suspeitos foram identificados pelo CODIS (16%) com o dobro da taxa em que foram identificados pelo AFIS (8%).

<sup>308</sup> Em verdade, os autores concluíram que os casos da amostra envolvendo DNA dobraram as taxas de identificação, prisão e acusação. Entretanto, nesse cálculo inclui-se comparação direta de DNA sem utilização do CODIS e, por isso, os resultados expostos aqui só foram incluídos os casos em que o CODIS foi utilizado.



Shabana Admani et al. (10)<sup>309</sup> buscaram determinar quais tipos de amostras biológicas coletadas em cenas de crimes contra a propriedade provavelmente levariam *cold hits* e, em última análise, resultaram em prisões. Os autores revisaram todos os casos sem suspeita envolvendo um único item de DNA<sup>310</sup> do Departamento de Polícia de San Diego, EUA, no ano de 2010. Do total de 430 casos avaliados, 330 foram incluídos, em razão do pequeno tamanho da amostra em 100 casos. Os autores documentaram o tipo de amostra, a quantidade de itens utilizáveis, a quantidade de perfis contendo mistura, o número de *cold hits* e se houve prisão.

Do total de itens e casos (n = 330), 230 (70%) renderam perfis genéticos utilizáveis, dos quais 130 (39%) continham perfis mistos, obtendo 158 (48%) *cold hits* e resultando em 83 (25%) prisões. Os itens testados foram categorizados em níveis como forma de priorização. No nível 1 são itens que tendem a vincular alguém a um crime (amostras de sangue, n = 63). O nível 2 contém itens que tendem a vincular alguém a uma cena de crime (garrafa de bebida e pontas de cigarro, n = 61). E no nível 3 são itens que tendem a vincular alguém a algum item (roupas, pedras e ferramentas, n = 206).

Diante dos resultados, os autores consideraram que, nos casos de crimes contra a propriedade, amostras de sangue (nível 1) devem receber a mais alta prioridade, pois resultaram em 250% mais taxas de prisão (n = 32/53%) do que os demais itens, que resultaram em uma taxa de 20% (n = 12) para o nível 2 e uma taxa de 19% (n = 39) para o nível 3. Por fim, ressaltaram que muitos são os fatores que determinam o valor de um *cold hit* em um determinado caso, não analisado no estudo. Porém, os resultados nos níveis 2 e 3, por vezes, não vinculam os suspeitos ao crime, pois apenas fornecem uma pista investigativa, significando que a gravidade do crime pode, potencialmente, resultar em mais impacto para a segurança pública.

Gustavo Chemale et al. (11)<sup>311</sup> analisaram 4.273 amostras de material biológico recuperados de 1.072 casos de crimes contra a propriedade e processados no laboratório de Genética Forense da Polícia Federal no Brasil, no período de 2011 a 2016. Os crimes investigados foram furtos em correios ou assaltos à mão armada (44%), furtos de caixa

<sup>309</sup> ADMANI, Shabana.; BURRITT, Brian B.; SEBETAN, Ismail M. The effect of DNA evidence on incidence of property crime arrests. **Toxicol Forensic Med Open J.** v. 2. p. 41-45. 2017. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.17140/TFMOJ-2-118>>. Acesso em: 01 jan 2021.

<sup>310</sup> Nesse caso, os autores optaram por evitar variáveis.

<sup>311</sup> CHEMALE, Gustavo et al. DNA Evidence in Property Crimes: An Analysis of More than 4200 Samples Processed by the Brazilian Federal Police Forensic Genetics Laboratory. **Brazilian Journal of Forensic Sciences, Medical Law and Bioethics.** v. 6. p. 108-117. 2016. Disponível em: <[http://dx.doi.org/10.17063/bjfs6\(1\)y2016108a](http://dx.doi.org/10.17063/bjfs6(1)y2016108a)>. Acesso em: 02 jan. 2021.



eletrônico e fraude ou captura de PIN (39%), assaltos a edifícios do governo federal (4%) e diversos (13%).

Um total de 3655 amostras foram recuperadas, uma média de 4 amostras por caso. Um total 795 amostras resultaram em perfis completos (18,6%). Amostras de sangue (77,4%) e saliva (26,9%) tiveram melhores taxas de recuperação em comparação a fezes (6,7%), cabelo (5%) e toque (4,4%). Um suspeito foi identificado em 134 casos e amostras de referência foram coletadas, resultando em 53 *offender hit* (*warm hit/benchmark match*). Perfis genéticos de um único indivíduo foram carregados no CODIS em 44% dos casos, resultando em 32 *forensic hit*.

Sem maiores detalhes dos resultados dos *matches* e dos casos, os autores ressaltaram que, em crimes contra a propriedade, amostras de DNA são frequentemente originadas de objetos tocados, mas são os que geram mais perfis complexos, degradados ou com misturas, como DNA de toque. Portanto, há uma necessidade de melhor seleção das amostras enviadas para análise, cujo acúmulo pode atrasar o processamento e resultar em baixos rendimentos.

No quarto grupo, enquanto uma das categorias de crimes mais importantes do ponto de vista da utilidade dos bancos de perfis genéticos, estão os *crimes sexuais*. No mesmo estudo de Joseph Peterson et al. (06)<sup>312</sup> citado anteriormente, os autores também avaliaram o papel do DNA, entre outros materiais forenses, em 602 casos envolvendo crimes sexuais, selecionados aleatoriamente, ocorridos em 2003 e 2006, em cinco jurisdições nos EUA. O principal método utilizado foi a análise prospectiva de dados de registros oficiais dos casos criminais. Na maior parte das relações entre vítima-autor, ambos se conheciam (78,9%).

Menos da metade (45%) resultou em uma prisão e apenas em 11,1% (n = 67) resultou em condenação. O tempo médio de prisão desde o incidente foi de 53,1 dias, com amostras físicas examinadas antes de uma prisão em apenas 3 (1,6%) casos. Vestígios biológicos foram coletados em 322 casos (53,5%) de um total de 384 (63,8%) vestígios coletados, mas efetivamente examinados em 14,8% (n = 89) dos casos. Um suspeito foi associado à vítima em 10 casos (1,7%). Nove casos tiveram perfis carregados no CODIS, o que resultou em 4 *matches* (0,7%), levando à identificação de um infrator desconhecido.

Em uma análise de regressão logística, as provas forenses não previam a condenação ou a severidade da sentença. Os autores sugeriram racionalizar o processo de teste, como priorizar os testes envolvendo desconhecidos, seguidos de negativa de contato e alegações de consensualidade. E, além disso, embora o CODIS não tenha oferecido maiores contribuições

---

<sup>312</sup> PETERSON, *op. cit.*, p. 90-106.

no estudo, consideraram que a inserção de perfis oferece a possibilidade de vincular crimes futuros.

Theodore Cross et al. (12)<sup>313</sup> exploraram a relação entre o uso de amostras biológicas e a prisão. Os autores utilizaram uma amostra aleatória de 528 casos, com vítimas acima de 12 anos, que ocorreram entre 2008 e 2010 em Massachusetts, EUA. O estudo examinou o momento dos relatórios do laboratório criminal e das prisões para identificar os casos em que as amostras de DNA estavam disponíveis e poderiam ter afetado a decisão de prisão. A maioria das vítimas (57,4%) conhecia o suspeito.

Em apenas 11 casos (2,1%) a prisão ocorreu após (nove casos) ou simultaneamente (três casos) os resultados dos testes forenses serem relatados à polícia. Portanto, o DNA pode ter ajudado a levar à prisão em 8,5% do total das prisões realizadas (n = 130). Entretanto, desses apenas 4 envolveram um suspeito desconhecido. Em 5 desses casos, houve um *match* para um suspeito identificado. Em 2 desses casos, um *offender hit* foi obtido no CODIS. E, em 3 desses casos, um CODIS *hit* foi obtido para outras investigações.

O estudo limita-se em razão do pequeno tamanho das amostras. Entretanto, como as prisões foram feitas bem antes dos resultados dos testes de DNA estarem disponíveis (~51 dias antes),<sup>314</sup> melhorias na recuperação desses materiais biológicos podem ter efeitos modestos nas taxas de prisões, já que não houve atrasos no laboratório criminal. Por outro lado, essas melhorias podem impactar na identificação de mais criminosos em série via CODIS.

Fazendo um paralelo entre crimes sexuais e crimes contra a propriedade, o Departamento de Biologia Forense do *Office of Chief Medical Examiner* (OCME) (13)<sup>315</sup> de Nova York desenvolveu um projeto para examinar o impacto do seu trabalho no ano de 2008 nas prisões e nos processos judiciais nesses casos. O estudo explorou a relação entre os perfis elegíveis para o CODIS e o momento do trabalho do OCME com a prisão e julgamento dos casos analisados. A pesquisa iniciou com 1.176 prisões (associadas a 999 reclamações), das quais 589 foram relacionadas a crimes de roubo e 587 a crimes sexuais.

<sup>313</sup> CROSS, Theodore et al. **Forensic evidence and criminal justice outcomes in a statewide sample of sexual assault cases**. 2014. Disponível em: <<https://www.ncjrs.gov/pdffiles1/nij/grants/248254.pdf>>. Acesso em: 14 jan. 2020.; CROSS, Theodore P. et al. Biological evidence in adult and adolescent sexual assault cases: Timing and relationship to arrest. **Journal of interpersonal violence**. v. 35. p. 1828-1839. 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/0886260517704229>>. Acesso em: 14 jan. 2020.

<sup>314</sup> O intervalo médio entre o fato e a prisão foi de 1 dia. O laboratório recebeu o kit em média 8 dias após o exame (em média 12 horas do fato) e o relatório foi concluído após, em média, 43 dias da chegada do kit.

<sup>315</sup> SOLOMON, Freda F.; HAUSER, David J.; NEHWADOWICH, Wayne. **The Influence of CODIS DNA Testing on the Arrest and Prosecution of Burglary and Sexual Assault Cases in New York City: An Exploratory Study**. CJA, Criminal Justice Agency. New York, 2011.

As prisões ocorreram um dia após o fato em 51% nos crimes sexuais e em 20,3% nos crimes por roubo, mas a partir de 11 (onze) dias em 68,2% nos crimes de roubo e em 23,8% nos crimes sexuais. As prisões por roubo eram mais prováveis de ocorrer depois da conclusão dos testes (45,5%) do que as prisões por crimes sexuais (12,9%). Logo, é improvável que a obtenção de um perfil CODIS esteja diretamente relacionado às prisões por crimes sexuais.

Um perfil CODIS foi obtido em 59,3% (n=349) nas prisões por roubo e em 46,2% (n=271) nas prisões por crimes sexuais (total n = 620). Desses, 245 (62,8%) dos casos de roubo e 234 (46,9%) dos casos de crimes sexuais foram processados. Nos casos não processados/arquivados (n=271), um perfil CODIS foi obtido em 52,9% (n=91) nos casos de roubo e em 49,3% (n=34) nos crimes sexuais. Entre as duas categorias de crimes, um perfil CODIS pode ter tido maior influência na condenação ou absolvição nos crimes de roubo (66,2% de 293 casos) em comparação aos crimes sexuais (46,3% de 415 casos). Os presos por roubo também eram mais propensos a ter outra condenação (60,7%) ou prisão (24,4%) em comparação aos presos por crimes sexuais (34% e 24,1%, respectivamente).

Os resultados inferiram que a obtenção de um perfil CODIS em tempo oportuno, isto é, antes da prisão, acusação ou resolução de um caso, tem efeitos nos resultados dos casos. Por exemplo, é possível que o trabalho da OCME tenha representado maior influência nas resoluções de crimes por roubo. O estudo limitou-se em termos de causalidade, pois não foi possível determinar se um perfil CODIS foi fundamental para a prisão, condenação ou exoneração das pessoas presas ou se a força de outras provas levou a tomadas de decisões pela polícia ou promotoria.

No quarto grupo, três estudos avaliaram a utilidade (potencial ou efetiva) dos bancos de dados em testar vestígios biológicos armazenados e não testados ao tempo dos fatos, referente a crimes sexuais. Os resultados podem fornecer indicativos de suas contribuições para a detecção crimes antigos.

No primeiro estudo, Nígela Carvalho et al. (14) <sup>316</sup> analisaram 275 amostras armazenadas, relativas a 214 casos, que foram coletadas entre 2004 a 2018. O objetivo foi avaliar o potencial do banco de perfis genéticos do Estado de Goiás, Brasil. Até setembro/2018, o banco estadual continha 510 e 255 *forensic* e *offender hit*, respectivamente. Os critérios de seleção de um total de 2.545 amostras, referentes a 2.165 casos, incluíram: (i) vítima do sexo feminino; (ii) teste com presença de espermatozoides; (iii) boletim de ocorrência atribuindo a

---

<sup>316</sup> CARVALHO, Nígela Rodrigues et al. *op. cit.*, p. 1-5.

amostra ao autor do fato; (iv) ausência de suspeito; (v) existência de perfil genético da vítima e (vi) amostra não testada.

Após o procedimento de tipagem de DNA, 202 (73,5%) apresentaram perfis elegíveis para inserção no banco de dados, dos quais 176 (64%) foram inseridos, sendo um perfil para cada caso. Ao todo, 60 *matches* (49 *forensic hit* e 11 *offender hit*) foram gerados, auxiliando 32 (11,7%) investigações criminais de casos sem suspeitos. Os resultados indicaram que o uso de bancos de perfis genéticos para amostras armazenadas em crimes sexuais é uma ferramenta forense viável. Contudo, os autores ressaltaram que maiores estudos seriam necessários para analisar o reflexo dos *matches* nas taxas de condenações, isto é, a sua real utilização.

No segundo estudo, Joseph Peterson et al. (15)<sup>317</sup> analisaram 1.948 SAKs, que datavam de 1982 a 2009, de dois laboratórios de Los Angeles, EUA. A maioria (65,3%)<sup>318</sup> dos casos envolveu suspeitos conhecidos pelas vítimas. Posteriormente, os autores compararam as taxas de prisão, acusação e condenação nos primeiros seis meses após os testes de uma segunda amostra aleatória de 371 casos em atraso (acumulados) e 371 casos recentes.

Dos 1.948 casos, 17,8% (n = 347) resultaram em um acerto no CODIS, sendo 320 casos (92%) *offender hits* e 27 casos (8%) *forensic hits*. Em se tratando de novas pistas (suspeito não identificado anteriormente ou identificado em outro caso), os testes levaram à identificação de um suspeito em 90 casos (70 casos *offender hit* e 20 casos *forensic hit*). Porém, estava além do escopo do estudo determinar os resultados dos *matches*.

Dos 371 casos em atraso, após os testes e carregamentos no CODIS (n=141/38%), 230 resultaram em *offender hits*, dos quais 64% o suspeito era conhecido da vítima (*warm hit*), e 27 em *forensic hits*, dos quais 74% era conhecido da vítima. Nessa amostra, não houve nenhuma prisão, acusação ou condenação com a utilização de DNA após os testes dos SAKs. Em cerca de 20-30% dessa amostra, o suspeito era conhecido, já havia sido preso e condenado pelo mesmo crime sexual e seu perfil genético já estava no CODIS.

Dos 371 casos recentes, 139 (37,5%) foram inclusos no CODIS. Um total de 40 casos resultaram em *offender hits*, dos quais 46% e 47,5% era desconhecido ou conhecido da vítima, respectivamente (*cold/warm hits*), e 12 resultaram em *forensic hits*, dos quais 10 eram desconhecidos. Do total desses casos, 130 (35%) resultaram em prisão, 81 (21,8%) em acusações arquivadas e 22 (5,9%) em condenações antes da testagem dos SAKs. Após os testes, 8 prisões (2,2%), 19 processos (5,1%) e 42 condenações (11%) ocorreram, cujo DNA de um suspeito desconhecido foi encontrado em 100%, 63,2% e 73,8%, respectivamente.

<sup>317</sup> PETERSON, Joseph et al. Sexual assault kit backlog study. **National Institute of Justice**. 2012.

<sup>318</sup> Como não havia informação em 8,9% dos casos, essa porcentagem poderia subir para mais de 70%.

Após entrevistas com analistas, investigadores e promotores, os autores concluíram que um sistema de prioridades deveria ser estabelecido em vez de testar todos os SAKs, como os casos envolvendo desconhecidos. Além disso, consideraram que, embora o CODIS possa ter algum valor a longo prazo, muitos *matches* da amostra acumulada vincularam indivíduos já inclusos no banco e condenados pelo crime. Alguns analistas expressaram a opinião de que crimes contra a propriedade, em alguns casos, mereciam maior atenção, uma vez que, além de serem indicadores de crimes futuros, há uma maior taxa de correspondências no CODIS.

No terceiro estudo, William Wells et al. (16)<sup>319</sup> examinaram os resultados de CODIS *hit* após o processamento de uma amostra retirada de 6.571 kits de agressão sexual, no Departamento de Polícia de Houston (HPD), Texas, EUA. Uma amostra aleatória de 491 casos, ocorridos entre 1989 e 2009, foi selecionada. Três fontes de dados foram utilizadas: (i) os arquivos sobre a investigação original; (ii) informações sobre a triagem forense e os resultados dos testes, incluindo carregamentos e resultados do CODIS; e (iii) informações sobre as atividades e os resultados das investigações.

Do total (n=491) de amostras, 68,4% (n=336) continham materiais biológicos com valor probatório. Um perfil genético foi gerado em 55% (n=270). Um perfil foi carregado no CODIS em 43,4% dos casos (n=213). Um *match* ocorreu em 21% (n=104) dos casos. Os casos envolveram mais suspeitos conhecidos (n=66/63,5%) do que estranhos (n=35/33,7%). Os 104 casos foram investigados e analisados.<sup>320</sup> Em 44,2% (n=46) os casos estavam prescritos. Nesses casos, medidas alternativas foram tomadas em 7 (5,7%) deles, como notificar um conselho de liberdade condicional sobre o *match*. A vítima não foi localizada ou não quis participar em 25% dos casos (n=26). Dentre os suspeitos, 12 já estavam presos antes do *match* e 6 (5,8%) investigações estavam em andamento. Até agosto de 2015, apenas um caso foi processado.

Para os autores, a falta de disponibilidade e participação das vítimas são desafios comuns e os retornos negativos aumentam quando envolvem incidentes traumáticos antigos. Apesar do baixo retorno via CODIS, a sua eficácia pode ser melhorada à medida que investigadores e promotores se tornam mais habilidosos. Além disso, a testagem de amostras antigas permite o aumento dos bancos de perfis genéticos e cria chances de identificar crimes seriais ou utilizá-los de maneiras alternativas. Os casos prescritos acabaram limitando o estudo.

<sup>319</sup> WELLS, William; FANSHER, Ashley K.; CAMPBELL, Bradley A. The results of CODIS-Hit investigations in a sample of cases with unsubmitted sexual assault kits. **Crime & Delinquency**. v. 65. p. 122-148. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/0011128717732506>>. Acesso em: 05 jan. 2021.

<sup>320</sup> Na investigação original, um suspeito foi investigado em 15% (n=16) e 8 suspeitos confessaram o crime (7,7%) e sete prisões foram feitas. A impossibilidade de o investigador fazer contato com a vítima (n=34/32,7%) e a decisão da vítima de não participar da investigação (n=58/55,8%) foram formas comuns de encerramento da investigação original.

O quinto e último grupo do primeiro indicador é a capacidade dos bancos de perfis genéticos em *correlacionar crimes* envolvendo um mesmo agente. Três estudos avaliaram o potencial desse recurso. No primeiro estudo, Samuel Ferreira et. al. (17)<sup>321</sup> relataram a experiência do uso apenas do banco estadual de perfis forenses (vestígios) de Brasília, Brasil, para auxiliar nas investigações de crimes sexuais, desde 1998. A amostra incluiu vestígios de casos em que havia e de casos em que não havia suspeitos.

Os autores separaram os perfis STRs masculinos em três grupos: (a) *forensic hit* em casos resolvidos, com suspeito conhecido; (b) casos com *forensic hit* sem suspeitos, mostrando que muitas vítimas foram relacionadas ao mesmo suspeito desconhecido, ajudando a polícia a encontrar os suspeitos; e (c) casos sem *matches*, por não haver suspeitos ou por terem sido excluídos. Não há informações sobre quantas correspondências em cada grupo.

Os resultados forneceram 223 *matches*, relacionados a 78 autores de crimes sexuais em série, dos quais 52 já haviam sido identificados. As associações entre os perfis forenses demonstraram que havia autores de crimes seriais atuando no estado. Os autores relataram que o uso dessa ferramenta desempenhou um papel muito importante nos casos em que não há suspeitos e nos casos em que os suspeitos são excluídos após o exame de DNA.

No segundo estudo, Rebecca Campbell et al. (18)<sup>322</sup> testaram uma amostra de 894 kits de agressão sexual (SAKs), armazenados no Departamento de Polícia de Detroit, EUA, para analisar quantos deles produziam *matches* e associações a outros casos de crimes sexuais. Quatro critérios foram utilizados: (i) SAK não submetido a teste anteriormente; (ii) ausência de prescrição; (iii) casos não julgados; e (iv) presença de informações da relação vítima-suspeito.

De um total de 445 SAKs de suspeitos desconhecidos da vítima, houve 156 (35%) ocorrências no CODIS, dos quais 146 foram *offender hits* e 10 foram *forensic hits* (mas nenhuma identidade revelada). Desses, 44 *offender hits* e 7 *forensic hits* estavam associados a outros crimes sexuais. Por outro lado, de um total de 449 SAKs de suspeitos conhecidos, houve 103 (23%) ocorrências no CODIS, dos quais 98 foram *offender hits* e 5 *forensic hits*. Desses, 15 *offender hits* e 3 *forensic hits* estavam associados a outros crimes sexuais.

Os resultados do CODIS dos SAKs envolvendo desconhecidos podem ter fornecido uma pista promissora para a investigação, enquanto os SAKs envolvendo conhecidos ajudaram a

---

<sup>321</sup> FERREIRA, Samuel TG et al. The use of DNA database of biological evidence from sexual assaults in criminal investigations: A successful experience in Brasília, Brazil. **Forensic Science International: GSS**. v. 5. p. e595-e597. 2015.

<sup>322</sup> CAMPBELL, Rebecca et al. Should rape kit testing be prioritized by victim-offender relationship? Empirical comparison of forensic testing outcomes for stranger and nonstranger sexual assaults. **Criminology & Public Policy**. v. 15. p. 555-583. 2016. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/1745-9133.12205>>. Acesso em: 29 jan. 2021.



confirmar a identidade do suspeito. Em ambos os grupos, foi possível conectar os suspeitos a outros casos, alguns deles não resolvidos anteriormente (não relatados no estudo). Logo, os autores não apoiaram as recomendações de priorizar kits envolvendo desconhecidos.<sup>323</sup>

No terceiro estudo, posteriormente, Rebecca Campbell et al. (19)<sup>324</sup> avaliaram como os *matches* podem complementar os registros de antecedentes criminais para identificar indivíduos associados a múltiplas agressões sexuais. O estudo examinou os resultados de CODIS *hit* de 7.287 SAKs armazenados no Departamento de Polícia de Detroit, EUA, não testados anteriormente, os quais datavam de 1980-2009, todos casos inativos. Após os testes, os autores avaliaram quantos SAKs produziram um *offender hit* e se essa correspondência estava relacionada a outro incidente de agressão sexual documentado no histórico criminal do estado.

Do total, foi possível testar 5.048 SAKs (69,3%). Um total de 2.938 (40,3%) SAKs produziu um perfil genético elegível para o CODIS e 1.675 (22,9%) SAKs produziram um CODIS *hit*. Desses, 14 SAKs produziram dois CODIS *hit* e 1 SAKs produziu três CODIS *hit*, indicando possível envolvimento de mais de um indivíduo para o mesmo crime. Logo, o total de CODIS *hit* foi de 1.691 (23,2%) SAKs. Do total de CODIS *hit*, 775 (10,6%) SAKs produziram um CODIS *Serial Sexual Assault Hit*, isto é, corresponderam a outra agressão sexual documentada no CODIS. Desses, 508 (35,7% de 1.424) indivíduos foram associados, dos quais 365 eram identificáveis devido a *offender hits* (28,7% de 1.270).<sup>325</sup>

Ao obterem o histórico criminal de adultos de Michigan, esse número aumentou para 504 (39,7%), ao relevaram outros crimes sexuais não relatados pelo CODIS. Esses estavam associados, em média, a três incidentes sexuais (entre 2 a 15). Esses resultados apontaram para

<sup>323</sup> A mesma amostra do estudo anterior foi utilizada novamente por Rachael Goodman-Williams et al. para testarem se a relação entre vítima-autor, a característica de ambos ou da agressão são fatores que preveem a probabilidade de CODIS *hits*. Os resultados da análise do CODIS foram codificados com uma variável binária (0 = nenhuma ocorrência, 1 = ocorrência), usando modelos de regressão logística padrão. Os autores concluíram que poucas variáveis foram preditores significativos da taxa de acertos do CODIS. Cf. GOODMAN-WILLIAMS, Rachael et al. How to right a wrong: empirically evaluating whether victim, offender, and assault characteristics can inform rape kit testing policies. **Journal of Trauma & Dissociation**. v. 20. p. 288-303. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1080/15299732.2019.1592645>>. Acesso em: 29 jan. 2021.

<sup>324</sup> CAMPBELL, Rebecca et al. Connecting the dots: Identifying suspected serial sexual offenders through forensic DNA evidence. **Psychology of Violence**. v. 10. p. 255-267. 2020. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1037/vio0000243>>. Acesso em: 15 jan. 2021.

<sup>325</sup> Essa amostra foi utilizada pelos autores em um outro estudo, utilizando um subconjunto de 392 suspeitos identificáveis de agressões sexuais em série para avaliar a trajetória de comportamento, isto é, quantas agressões eles cometem e em qual padrão ao longo do tempo. Cf. CAMPBELL, Rebecca et al. Will history repeat itself? Growth mixture modeling of suspected serial sexual offending using forensic DNA evidence. **Journal of criminal justice**. v. 61. p. 1-12. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.jcrimjus.2019.01.004>>. Acesso em: 15 jan 2021.

uma taxa mais alta do que aquelas comumente documentadas em estudos de reincidência utilizando apenas históricos criminais (em média, 8 a 15%).<sup>326</sup>

Portanto, os autores concluíram que testar SAKs revela um quadro mais amplo do comportamento de indivíduos que praticam crimes sexuais em série, embora a maioria dos testes (77%) não tenham produzido um CODIS *hit*. Além disso, os autores ressaltam que, por Detroit apresentar uma alta taxa de crimes violentos (maior taxa dos EUA segundo dados do FBI *Uniform Crime Report* – UCR de 2010), isso pode impactar a generalização dos resultados.

O terceiro indicador é o *efeito dissuasor*. Nesse momento, os pesquisadores buscaram quantificar os efeitos da adoção dos bancos de perfis genéticos no comportamento do infrator. Basicamente, os autores testaram a seguinte hipótese: o conhecimento do infrator de que seu perfil genético foi inserido em um banco de perfis genéticos o impede de cometer crimes no futuro (efeitos dissuasores específicos). De outro lado, os que reincidirem, receberão sanções mais rápidas e com mais certeza, com a ajuda dessa tecnologia (efeitos probatórios específicos).

No primeiro estudo, Avinash Bhati e Caterina Roman (20)<sup>327</sup> inferiram, simultaneamente, os efeitos de dissuasão (SDEs) e probatórios específicos (PREs) dos bancos de perfis genéticos, com base em dados observacionais. Padrões de reincidência de uma coorte de infratores liberados da custódia do Departamento de Correções da Flórida (FDOC), EUA, entre janeiro 1996 e dezembro de 2004, foram analisados, dentro de um período de acompanhamento de três anos.<sup>328</sup> Foram utilizados vários relógios que sinalizavam a data da nova prisão e da nova condenação. O grupo de tratamento teve seu perfil genético coletado, ao contrário do grupo de controle.

Os resultados identificaram pequenos SDEs negativos - reduções de 2–3% no risco de reincidência - apenas para crimes patrimoniais (*robbery* e *burglary*). De outro lado, PREs positivos foram descobertos para a maioria das categorias de crimes, incluindo os violentos, implicando no aumento de 20-30% no risco de reincidência.<sup>329</sup> Os autores sugerem que, como os efeitos dissuasores são pequenos, uma expansão da cobertura de indivíduos pode valer a pena em razão dos benefícios dos efeitos probatórios específicos que a pesquisa demonstrou.

<sup>326</sup> Os autores se basearam no estudo de Hanson, R. K., & Morton-Bourgon, K. E. (2005). The Characteristics of Persistent Sexual Offenders: A Meta-Analysis of Recidivism Studies. **Journal of Consulting and Clinical Psychology**. v. 76. p. 1154–1163. A média continuava compatível com estudos posteriores que analisaram a reincidência de nova prisão (7-24%), nova acusação (8-15%) e nova condenação (8-16%).

<sup>327</sup> BHATI; ROMAN, *op. cit.*, p. 68-93.

<sup>328</sup> Foram excluídos um pequeno grupo sem registros dos antecedentes criminais ou liberados para outros estados.

<sup>329</sup> Jennifer Doleac discordou do modelo utilizado por Avinash Bhati e Caterina Roman, que separaram os efeitos dissuasivos dos probatórios, pois em sua opinião, qualquer efeito dissuasor é dependente de um efeito probatório esperado, isto é, a probabilidade aumentada de ser punido. Cf. DOLEAC, Jennifer L. The Effects of DNA Databases on Crime. **American Economic Journal: Applied Economics**. v. 9. p. 165-201. 2017. Disponível em: <<https://doi.org/10.1257/app.20150043>>. Acesso em: 29 jan. 2021. p. 169.

No segundo estudo, de Jennifer Doleac (21)<sup>330</sup>, com um método quase experimental, a autora utilizou dados do histórico criminal<sup>331</sup> e comparou as taxas de reincidência (nova condenação) de infratores libertados antes (grupo de controle) e depois (grupo de tratamento) da expansão de coletas de perfis genéticos de condenados em sete estados. O objetivo era testar se o perfil genético tem um efeito dissuasor sobre o crime, dentro de 3 e 5 (cinco) anos da expansão.

O estudo estimou que a exigência de coleta de perfil genético reduz a probabilidade de uma nova condenação para infratores violentos e de propriedade, dentro de cinco anos, em 17% e 6%, respectivamente. Em três anos, essa redução é de 16% para infratores de crimes violentos, mas estatisticamente insignificantes para os de propriedade. Por fim, ressaltou que o estudo mede os efeitos a partir da data da exigência de um perfil genético (não da efetiva coleta), estimado imediatamente após a mudança das leis.

Na mesma pesquisa, também foi avaliado o efeito agregado do perfil genético na segurança pública,<sup>332</sup> investigando o efeito causal do tamanho dos bancos de perfis genéticos nas taxas de criminalidade (probabilidade de fazer uma prisão em novos crimes). Utilizando variáveis instrumentais para corrigir qualquer tendência variável omitida, foram coletados dados anuais em nível estadual sobre o tamanho dos bancos de perfis genéticos e as taxas de crimes, no período de 2000 a 2010, nos mesmos sete estados. As expansões legisladas foram aplicadas a novos condenados e/ou qualquer pessoa encarcerada na data de vigência ou após essa data.

Seus resultados encontraram efeitos significativos de redução de crimes no nível agregado. Com um crescimento, em média, de 2.183 perfis (por 100.000 residentes) ao longo do período estudado, implicou uma redução das taxas anuais de crimes violentos em 7-45% e de crimes contra a propriedade em 5-35%. A autora, então, conclui que esse estudo forneceu evidências de que infratores de crimes graves respondem racionalmente aos incentivos para não cometer crimes, cujos efeitos são motivados mais pela dissuasão do que pela incapacitação. Logo, a expansão dos bancos de perfis genéticos traria grandes benefícios de segurança pública.

---

<sup>330</sup> Essa é a segunda versão do estudo. A primeira foi publicada em 2012. Cf. DOLEAC, *op. cit.*, p. 165-201.

<sup>331</sup> Os Estados estudados foram Flórida, Geórgia, Missouri, Montana, Nova York, Carolina do Norte e Pensilvânia, escolhidos conforme disponibilidade de dados. A autora limitou a atenção aos infratores libertados antes de 1º de janeiro de 2007.

<sup>332</sup> A autora partiu da constatação de que as expansões dos bancos de perfis genéticos foram independentes de tendências e características preexistentes (como composição racial, taxa de pobreza, nível educacional, tendências políticas e taxas de crimes violentos anteriores ao período) que poderiam afetar as taxas de crimes futuras.

No terceiro estudo, também realizado por Jennifer Doleac (22),<sup>333</sup> foram estimados os efeitos das políticas de expansão dos bancos de perfis genéticos estaduais<sup>334</sup> nas taxas de criminalidade de outros estados,<sup>335</sup> no período de 2000 a 2014. Utilizando variáveis instrumentais, a autora explora a variação no tempo de expansão dos bancos como choque exógenos no tamanho dos bancos em cada estado. Seus resultados foram consistentes com a hipótese de que os indivíduos respondem racionalmente às políticas estaduais mudando-se para locais onde são menos propensos a serem apanhados por seus crimes, um “efeito de deslocamento”.

Verificou-se que um perfil adicional de outro estado aumenta a taxa de crimes violentos em 0,0001 e de crimes contra a propriedade em 0,0003 no próprio estado. O efeito é maior se o estado vizinho for mais próximo. Por exemplo, a menos de 500 milhas de distância, leva um aumento de 0,0011 nos crimes violentos e 0,0063 nos crimes contra a propriedade no próprio estado. O efeito é mais significativo nos crimes contra a propriedade.

A autora também estimou os efeitos sobre o tipo de perfil (detido ou condenado) de outro estado, observando apenas se eles fazem parte dos bancos de perfis genéticos e não em quantos, efetivamente, estão inclusos, não encontrando efeito estatisticamente significativo entre os tipos de perfis.<sup>336</sup> O efeito dos perfis de outros estados sobre a probabilidade de fazer mais prisões no próprio estado também não resultou em efeitos estatisticamente significativos, sugerindo que buscas nos bancos de perfis genéticos entre estados não afetam significativamente as taxas de prisões.

Por fim, no quarto estudo, Anne Anker et al. (23)<sup>337</sup> estudaram os efeitos de dissuasão no registro de perfis genéticos no banco de dados da Dinamarca. Utilizando uma estratégia de instrumento variável, os autores compararam a taxa de reincidência nas condenações subsequentes ao registro de acusação em até três anos, antes e após a reforma da legislação em 2005. A referida reforma, ao permitir a coleta do DNA de pessoas acusadas em crimes com pena mínima de dezoito meses, aumentou a probabilidade de obter DNA em 35%. A amostra incluiu crimes violentos, contra a propriedade, sexuais e relacionados a drogas e armas.

<sup>333</sup> DOLEAC, Jennifer L., How do State Crime Policies Affect Other States? **The Externalities of State DNA Database Laws**. p. 1-22. 2016. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.2892046>>. Acesso em: 28 jan 2021.

<sup>334</sup> Nos EUA, cada estado detém sua própria legislação sobre os bancos de perfis genéticos.

<sup>335</sup> Com exceção de três estados: Rhode Island, Connecticut e Vermont.

<sup>336</sup> No entanto, as estimativas foram diferentes de zero para os perfis ponderados pela distância, o que sugere que os perfis dos detidos têm maiores externalidades negativas em relação ao crime violento e menores externalidades negativas em relação a crimes contra a propriedade.

<sup>337</sup> ANKER, Anne Sofie Tegner; DOLEAC, Jennifer L.; LANDERSØ, Rasmus. The effects of DNA databases on the deterrence and detection of offenders. **American Economic Journal: Applied Economics**. 2017.

Seus resultados indicaram que o registro de perfis genéticos tem um efeito dissuasor em crimes futuros, reduzindo a reincidência no ano seguinte em até 43%, efeito que persiste por, pelo menos, três anos. Também sugeriram que o aumento na probabilidade de identificação em 1% reduz o crime em mais 2% (comparando acusações que ocorreram três semanas após o incidente e, que, portanto, o perfil genético pode ter contribuído na investigação).

O quarto indicador é o *efeito incapacitante* e está relacionado à redução potencial de atividade futura por meio da contribuição dos bancos de perfis genéticos. Por exemplo, se as investigações auxiliadas têm probabilidade de render mais prisões e tempo de prisão, então um benefício chave para a sociedade seria a redução no número de crimes cometidos por presos identificados com DNA enquanto eles estão encarcerados.<sup>338</sup>

Na mesma pesquisa de Matthew Gabriel et al. (01),<sup>339</sup> os autores analisaram o histórico criminal de dois grupos identificados após resultados de *cold hits*, com o fim de identificar o potencial do CODIS para prevenir ou restringir crimes futuros. Foram anotadas a data da prisão, a localização, os tipos de ofensas, a decisão do caso e a sentença, quando existente. No primeiro grupo, os crimes mais prevalentes envolviam narcóticos, agressão, *burglary/robbery* ou sexuais, nessa ordem. No segundo grupo, crimes de *burglary* e envolvendo narcóticos representaram mais de 53%.

O primeiro grupo, de 12 indivíduos, foi responsável por mais de 300 crimes, sem períodos significativos de interrupção, cometidos antes e muito além da introdução do CODIS nos EUA em 1998, cuja porcentagem de crimes foi semelhante em ambos os períodos (51% contra 49%). Para os autores, se na época dos *matches* referentes a crimes sexuais, foram detectados ~4 crimes, considerando que a média durante a carreira criminoso é de 8, o CODIS pode ter sido capaz de prevenir (ou atrasar) o cometimento de mais de 40 crimes dessa natureza.

Um segundo grupo aleatório de 10 indivíduos nomeados como “ladrões” apresentou menos versatilidade. Esses indivíduos foram presos por quase três vezes a mais do que o primeiro grupo, com uma média de 4 a 13 prisões antes de um *cold hits*. Os padrões de ambos os grupos significam que a propensão do infrator para reincidências rápidas e frequentes pode impedir grandes impactos para a segurança pública por meio do CODIS ou de outros esforços. Assim, concluem que o CODIS, por si só, pode ser mais eficaz na redução do crime por um curto período em crimes violentos e mais curto ainda em crimes não violentos.

---

<sup>338</sup> ROMAN, *op. cit.*, p. 364.

<sup>339</sup> GABRIEL; BOLAND; HOLT, *op. cit.*, p. 396-411.

Por fim, o quinto e último indicador é o *papel exonerante*. Foram analisados todos os 192 (83%) casos de exonerações do *Innocence Project* (24)<sup>340</sup> que tiveram a contribuição do DNA de um total de 232 vitórias até 01 de março de 2021. Os casos foram analisados individualmente, com base no resumo fornecido pelo site da instituição. Basicamente, os fatos envolveram crimes de homicídio, sexuais, roubo e sequestro, isoladamente ou cumulativamente, ocorridos entre 1973 e 2004. Em 70 (36%) casos de exonerações, testes utilizando amostras biológicas com falhas e limitações, geralmente de grupo sanguíneo, foram utilizados como prova para a condenação.

Um caso ainda se encontrava ativo, motivo pelo qual não foi contabilizado.<sup>341</sup> Portanto, das 191 exonerações, na maioria (86%/ n = 164) o exame de DNA se deu de forma direta entre o vestígio e a pessoa condenada. Em 27 casos (14,2%), houve contribuição dos bancos de perfis genéticos. Desses, em 11 casos (6%),<sup>342</sup> essa tecnologia serviu como reforço, no sentido de que a pessoa condenada havia sido previamente excluída, mediante teste pós-condenação de DNA e, ao mesmo tempo, os advogados do Projeto solicitaram uma busca nos bancos de perfis genéticos, havendo um *offender hit* com o provável verdadeiro autor do fato, o que contribuiu para a declaração de inocência.

Para outros 15 condenados (8%),<sup>343</sup> o uso de bancos de perfis genéticos exerceu um papel importante, senão essencial, ao identificar o possível verdadeiro autor, em razão de que: não houve exclusão prévia por meio de exame direto (n = 1); houve exclusão prévia, mas não foi suficiente para inocentá-los (n = 14); ou o exame de DNA não foi realizado (n = 1). Cumpre frisar que, desses, a pesquisa familiar foi utilizada em um caso e o uso de bancos privados de genealogia genética foi utilizado em outro caso.<sup>344</sup> Dessa forma, em que pese essa tecnologia possa exercer um papel importante na exoneração de pessoas inocentes, esse papel parece ser significativamente menor do que o papel exercido na identificação de suspeitos de um crime.

<sup>340</sup> INNOCENCE PROJECT. **Explore the Numbers: Innocence Project's Impact**. 01.03.21. Disponível em: <<https://innocenceproject.org/exonerations-data/>>. Acesso em: 01 mar. 2021.

<sup>341</sup> Caso de Joseph Buffey.

<sup>342</sup> As pessoas exoneradas foram: Marvin Anderson, Randolph Arledge, Nathan Brown, Robert Clark, Ronald Cotton, Jerry Miller, Michael Morton, Ernest Sonnier, Ronald Gene Taylor, Patrick Waller e Douglas Warney.

<sup>343</sup> São 9 casos envolvendo 16 pessoas condenadas. As pessoas exoneradas foram: Steven Avery, Jonathan Barr, Jeff Deskovic, Robert Dewey, Kevin Green, James Harden, Darryl Hunt, Eric Kelley, Harold Richardson, Michael Saunders, Shainne Sharp, Terrill Swift, Christopher Tapp, Robert Taylor, Vincent Thames, Robert Lee Veal.

<sup>344</sup> Caso de Darryl Hunt (uso de pesquisa familiar) e o caso de Christopher Tapp (uso de genealogia genética). Este último não foi contabilizado nas 15 condenações por não utilizar bancos de perfis genéticos forenses. Acredita-se que o uso dessas estratégias para fins de exoneração foram as primeiras realizadas.



### 3.3 Discussão: Impactos Desconhecidos

De um modo geral, e confirmando a *primeira premissa*, as pesquisas demonstram que as taxas de coincidências e de investigações auxiliadas, mesmo nos casos de *cold hit*, não relevam muito sobre o valor independente do uso de bancos de perfis genéticos para o sistema de justiça criminal. O fato de ocorrer um *match* em um caso aberto não significa que o autor correto foi identificado, que o fato foi esclarecido, que uma prisão foi feita, que uma acusação foi apresentada, que a pessoa apontada pelo *match* ou *no match* foi condenada ou excluída/exonerada ou que a mera coleta de um perfil genético realmente pode estar relacionada a um efeito dissuasor ou incapacitante.<sup>345</sup>

É possível perceber que, dos *matches* obtidos, por vezes, um suspeito já havia sido preso em flagrante ou os investigadores já tinham uma identificação (*warm hit*), com posterior confirmação. Os *matches* não são necessariamente priorizados ou acompanhados pelos investigadores ou promotores de justiça,<sup>346</sup> o que pode minar a eventual utilidade preventiva. As vinculações entre crimes ou entre indivíduos e cenas de crimes também não são, necessariamente, probatórias ou suficientes para o prosseguimento da investigação ou revisão de uma condenação.<sup>347</sup>

Em geral, também é possível perceber um “efeito funil” durante todas as etapas do processo de filtragem dos materiais biológicos, desde a coleta do vestígio à análise laboratorial, em razão das limitações e desafios no processamento e inserção do perfil genético no banco de dados. Esse “afunilamento” acaba impactando na utilização da prova genética para a identificação, prisão, acusação de um suspeito e, consequentemente, para a condenação.<sup>348</sup>

Conforme lembram Matthew Gabriel et al. (01),<sup>349</sup> se os bancos de perfis genéticos operam dentro das instâncias formais do sistema penal, seus resultados são afetados pela legislação pertinente, pelos critérios de inclusão de perfis genéticos, pela efetiva coleta e análise

<sup>345</sup> KRIMSKY; SIMONCELLI, *op. cit.*, cap. 17.

<sup>346</sup> Em 2005, o Departamento de Ciência Forense da Virgínia, relatou uma baixa taxa de condenações (menos de 1/4 ou 597) após 2.744 ocorrências *offender hit* no banco de perfis genéticos da Virgínia desde 1989, ou seja, em 16 anos. Em relação às demais correspondências, não houve denúncia pela promotoria, seja porque as vítimas não foram encontradas, ou se negaram a testemunhar, ou porque as provas forenses eram irrelevantes, ou porque as investigações ainda estavam pendentes, ou não responderam aos pedidos de informações. Cf. WILLING, Richard. DNA Matches Win Few Convictions in VA. **USA Today**. 07.11.2005. Disponível em: <[https://usatoday30.usatoday.com/news/nation/2005-11-07-dna-convictions\\_x.htm](https://usatoday30.usatoday.com/news/nation/2005-11-07-dna-convictions_x.htm)>. Acesso em: 27 dez. 2020.

<sup>347</sup> Sobre esse ponto, rever as discussões do item 1.3. Sobre essas e outras razões ver: WILLING, Richard. Many DNA Matches Aren't Acted On. **USA Today**, 21.11.2006. Disponível em: <[http://www.usatoday.com/news/nation/2006-11-20-dna-matches\\_x.htm](http://www.usatoday.com/news/nation/2006-11-20-dna-matches_x.htm)>. Acesso em: 02 jan. 2021.; BIEBER, *op. cit.*, p. 228-229.

<sup>348</sup> Pertenson et al. (06) discorre sobre esse efeito nos crimes sexuais, mas o exemplo se aplica a todas as categorias. Cf. PETERSON, *op. cit.*, p. 202; 214.

<sup>349</sup> GABRIEL; BOLAND; HOLT, *op. cit.*, p. 397.

de amostras biológicas em cenas de crimes e o decurso do tempo necessário para tanto, pelos percursos das investigações e dos processos judiciais (análise das provas forenses e efetiva utilização/contribuição para o desfecho do fato) etc. Em suma, essa tecnologia, por si só, é uma pequena parte de um conjunto complexo de atos que operam esse sistema, cujo efeito isolado é importante para avaliar a sua contribuição. Por esses motivos, abordagens como a do estudo de Chicago e do caso do *maníaco de Contagem* se revelam inadequados.

Apesar dos importantes resultados, todos os estudos são limitados em termos de tamanho de amostras, do tempo despendido na análise dos resultados e na restrição a uma localidade, o que impede generalizações. Por exemplo, as taxas de identificação/prisão/acusação/exclusão podem ser melhoradas a longo prazo, uma vez que ainda podem gerar *matches* e resultar em informações úteis para casos abertos (sem suspeitos). Os estudos também limitam a obtenção de resultados conclusivos, principalmente na correlação entre causa e efeito. A relação entre o *match* e a identificação/prisão/acusação/exclusão pode ser espúria se outros elementos de investigação forem fundamentais para o esclarecimento dos fatos, a exemplo dos estudos de Alisson Brown (02), Tom Mcewen (04), John Roman et al., (09), Solomon et al. (13) e Joseph Peterson et al. (15).

Não obstante as diferenças metodológicas e certamente do tamanho dos bancos de perfis genéticos e das políticas/modificações de obtenção e retenção de perfis genéticos, os estudos esclarecem os mais variados fatores envolvidos para atingir os propósitos declarados dessa tecnologia e algumas tendências são dignas de nota. Em geral, quando se analisa a categoria de crimes úteis à essa tecnologia, os estudos corroboram com os relatórios da RIBPG sinalizando o foco para três categorias de crimes: crimes contra a pessoa, crimes sexuais e crimes patrimoniais. Cada uma dessas categorias de crimes merece especial atenção, em razão dos seus contextos fáticos apresentarem implicações diversas.

O papel dos bancos de perfis genéticos no crime de homicídio tem revelado baixo desempenho. Os estudos de Dale Weidman (05)<sup>350</sup> e Joseph Peterson et al. (06)<sup>351</sup> forneceram apenas algumas pistas de que, em crimes dessa natureza, outros tipos de provas são essenciais, ao menos em termos de esclarecimento dos fatos, podendo ser mais úteis para a condenação. A dificuldade na resolução de homicídios pode ocorrer, em geral, não por falta de provas materiais ou desconhecimento da identidade do suspeito, mas por falta de testemunhas cooperativas, necessárias para construir o contexto do crime.<sup>352</sup> No entanto, essas testemunhas podem

---

<sup>350</sup> WEIDMAN, *op. cit.*, p. 40.

<sup>351</sup> PETERSON, *op. cit.*, p. 71-72. p.

<sup>352</sup> FONSECA, *op. cit.*, p. 12; WALLACE, et al., *op. cit.*, p. 5-6.

fornecer mais pistas falsas do que corretas, como ocorreu em vários casos do *Innocence Project*.<sup>353</sup>

Contudo, a questão principal é a existência de vestígio biológico na cena desses crimes. Como identificado nos referidos estudos, se o contexto envolve conhecidos, local público, uso de arma de fogo e geralmente relacionados ao narcotráfico, vestígios biológicos podem ser irrelevantes ou sequer localizados. Conforme estatísticas no Brasil, segundo registros coletados pelo FBSP e Mapa da Violência entre 2018 e 2019, cerca de 75% dos homicídios são cometidos com arma de fogo. Aproximadamente 69% são cometidos em via pública, contra 14,4% em residência, considerando apenas vítimas masculinas, que constituem a maioria (91,8%).<sup>354</sup>

Infelizmente, não há informações coletadas sobre a relação entre vítima-autor e causa do crime em âmbito nacional. Porém, é possível obter algumas informações da pesquisa de categorização das causas prováveis de homicídio dolosos no Brasil do Conselho Nacional do Ministério Público (CNMP) entre 2012 e 2013. A pesquisa é fruto da campanha “preservação pela vida – Conte até 10”, a partir de inquéritos e processos em tramitação em 16 estados. Das estatísticas, consta que entre 25% e 85% dos homicídios, a depender do estado, foram cometidos por impulso ou motivos fúteis, geralmente brigas e discussões. Nas demais causas, crimes relacionados ao tráfico de drogas é o que está mais presente e, em menor quantidade, relacionados a “acerto de contas”, resistência e outros.<sup>355</sup>

Há uma tendência nos crimes de homicídio, portanto, semelhante àqueles apresentados nos estudos de Dale Weidman (05) e Joseph Peterson et al. (06), a envolver conhecidos e relacionados ao narcotráfico. É sintomático que os relatórios da RIBPG comumente não informam as taxas de *matches* relacionados a crimes contra a vida, mas apenas os crimes sexuais e patrimoniais.<sup>356</sup> Esses fatores podem estar atrelados à baixa composição de vestígios oriundos de crimes nesses casos.<sup>357</sup> Um outro possível fator pode ser o fato de que o DNA da vítima também é frequentemente mais útil nessas circunstâncias, por exemplo, se o DNA da vítima

<sup>353</sup> INNOCENCE PROJECT. Disponível em: <<https://innocenceproject.org/>>. Acesso em: 13 nov. 2020.

<sup>354</sup> Os dados referentes ao local do incidente foram coletados do Mapa da Violência de 2020, que coletam informações de 1 década (no caso, 2008-2018). Entretanto, em 32,1% o sistema de saúde não conseguiu identificar o local de ocorrência do incidente. Com relação às vítimas mulheres, há uma grande probabilidade de serem mais vítimas de violência doméstica. Por exemplo, entre os registros de feminicídio de 2019 (n = 1.326), apenas 2,6% desconheciam o autor do fato, de modo que os dados sobre o local de crime e a arma utilizada são irrelevantes neste caso. Cf. FBSP, 2020, p. 65.

<sup>355</sup> CONSELHO NACIONAL DO MINISTÉRIO PÚBLICO. **Motivação dos crimes de homicídios**. Disponível em: <<https://www.cnmp.gov.br/portal/images/stories/Noticias/2012/Apresentao2.pdf>>. Acesso em: 06 fev. 2021.

<sup>356</sup> Voltar à página 63 e 63 e ver nota 238.

<sup>357</sup> Com exceção do VI relatório (mai/2017), a composição de vestígios em crimes contra a vida foi a menor entre as três categorias nos relatórios seguintes, embora possua ampla representação entre os perfis de referência.

está nas roupas ou objetos do suspeito.<sup>358</sup> Portanto, são circunstâncias que geram dúvidas sobre a relevância do papel dos bancos de perfis genéticos na resolução de homicídios.

Com relação aos crimes patrimoniais, corroborando os estudos de Anna Mapes et al. (03), John Roman et al. (09), Shabana Admani et al. (10) e Gustavo Chemale et al. (11), nesses casos, amostras de DNA são frequentemente originadas de objetos tocados e, por isso, são os que mais geram perfis complexos, degradados ou com misturas, como os DNA de toque. Além disso, muitos perfis acabam não sendo elegíveis para os bancos de perfis genéticos, uma vez ser difícil a demonstração de que os vestígios coletados de um item são do suspeito (requisito para a inclusão do perfil genético no CODIS, a fim de evitar *match* com terceiros estranhos ao fato), conforme constatação de John Roman et al. (09) e Shabana Admani et al. (10).

Em contrapartida, o papel dos bancos de perfis genéticos em crimes de natureza patrimonial tem se mostrado promissor por resultar em mais *matches* e por desempenhar um papel de maior relevância na resolução dos casos. Pesquisadores comumente concordam que o crime de roubo/furto envolve mais suspeitos desconhecidos e de difícil identificação imediata, muitas vezes por falta de testemunhas, cuja prisão ocorre geralmente após uma série de crimes com um certo padrão.<sup>359</sup> Por ser considerado um crime de alto volume, essa tecnologia está sendo mais explorada do que os crimes violentos, como ressaltaram os analistas do estudo de Joseph Peterson et al. (15).<sup>360</sup>

É possível constatar, por exemplo, nos relatórios do NDNAD (UK) e do NDDB (Canadá), que os crimes patrimoniais, em especial furto de veículos e *burglaries*, no Reino Unido, e assalto à residência e *robberies*, no Canadá, resultam em mais coleta de vestígios e, conseqüentemente, em mais *matches*. Nos EUA, parece ocorrer essa mesma utilidade. Na audiência pública do RE 937.837, o Subprocurador, Sr. Odim Brandão, questionou o Sr. Douglas Hares, do FBI, sobre “a questão da importância desse tipo de investigação quando se

<sup>358</sup> WALLACE, Helen. **Prejudice, stigma and DNA databases**. Genewatch, 2008. p. 5.

<sup>359</sup> SOLOMON; HAUSER; NEHWADOWICH, *op. cit.*, p. 3.; ROMAN, *op. cit.*, p. 345-369.; PETERSON, Sexual assault... *op. cit.*, p. 100.

<sup>360</sup> É possível constatar, pelo menos nos últimos 10 relatórios do NDNAD, no Reino Unido, que furto de veículos e *burglaries* são dois tipos de crimes que mais se coleta vestígios biológicos e resultam em mais *matches*, sendo também constatado nos relatórios. O mesmo ocorre no NDDB do Canadá. No último relatório, do total de 65.589 *offender hits*, 55,7% (n = 36.355) correspondem a crimes patrimoniais (*break and enters* e *robberies*) contra 10,5% (n = 6.848) dos crimes sexuais e 6,5% (n = 4.222) dos homicídios. Por outro lado, também é preciso levar em conta que a ocorrência de crimes patrimoniais é comumente muito superior à taxa de crimes de homicídios e crimes sexuais e que obviamente influencia na taxa de *matches*. Portanto, qualquer comparação deve ser feita proporcionalmente. Cf. GOV. UK. Home Office. **National DNA Database documents**. London, September, 2020. Disponível em: <<https://www.gov.uk/government/collections/dna-database-documents#reports>>. Acesso em: 05 jan. 2020.; ROYAL CANADIAN MOUNTED POLICE. **Annual reports for the National DNA Data Bank**. 04.02.2021. Disponível em: <<https://www.rcmp-grc.gc.ca/en/forensics/annual-reports-national-dna-data-bank>>. Acesso em: 16 jan. 2021.

trata de reincidência”, especialmente quando o criminoso tem certos perfis psicológicos. Em resposta, o Sr. Douglas relata:

Bom, nós vimos algumas coisas acontecerem nos Estados Unidos. Uma coisa que nós notamos, e especialmente com roubo e com invasão domiciliar: eles repetem esse crime várias vezes. E o que nós vemos aqui é que eles ficam mais sérios uma vez que eles repetem esses crimes. Então, se nós pudermos interrompê-los antes, nós podemos impedir esses futuros crimes. E é por isso que nós fazemos a coleta de perfis desses criminosos que comente roubos, para poder utilizar esses dados e identificar quem são esses criminosos em série, para não deixar que eles aconteçam novamente. E esse crime acontece com frequência nos Estados Unidos. Estupro é outro crime grave nos EUA. E nós vemos isso também. Um caso que me vem à memória toda vez que penso sobre estupro é um caso que, de fato, aconteceu na década de 1970.<sup>361</sup>

Nota-se que na fala de Sr. Douglas Hares, em um primeiro momento, foi dada maior ênfase aos indivíduos que praticam crimes patrimoniais quando se trata de reincidentes do que com relação a crimes sexuais, notadamente uma criminalidade de massa, frisando a necessidade de identificá-los para não deixar que reincidam. Apesar de “também verem isso” nos crimes sexuais, o Sr. Douglas Hares se limita a exemplificar um caso de estupro. Com efeito, é significativo que os bancos de perfis genéticos tendem a mostrar mais utilidade em crimes patrimoniais, em razão das particularidades desse tipo de crime.

Porém, em termos de impacto geral essa influência deve ser contabilizada. Por exemplo, no estudo de Simon Ashikhmin et al. (08), os bancos de perfis genéticos contribuíram para uma acusação em 2% (n = 130) de todos os crimes contra a propriedade registrados em Denver no ano de 2006 (n = 6.538) e em 26,5% de todos os casos aceitos para a acusação (n = 491), ainda que a taxa de acusação nos 400 casos que continham amostras biológicas fosse 5 vezes superior aos casos sem esse tipo de vestígio (n = 6.138). Anna Mapes et al. (03), ao comparar seus resultados com os de John Roman et al. (09), ressaltaram que um efeito real apenas ocorrerá nos casos em que um material biológico foi assegurado, cuja análise de perfis genéticos em crimes de alto volume não é (ou não era) frequente. Em seus estudos, esse percentual foi de 6% (176/2.791).<sup>362</sup>

E em relação aos crimes sexuais, um *match* pode refutar uma negação de contato sexual, uma acusação indevida, confirmar a identificação de um suspeito ou corroborar a palavra da vítima,<sup>363</sup> bem como são importantes para correlacionar diferentes crimes. Joseph Peterson et

<sup>361</sup> STF. **RE 973.837**. Plenário. Rel. Min. Gilmar Mendes. Armazenamento de perfis genéticos de condenados por crimes violentos ou hediondos. Audiência Pública. Brasília, 2017. Disponível em: <[http://www.stf.jus.br/arquivo/cms/audienciasPublicas/anexo/Transcricoes\\_Armazenamento\\_de\\_Perfis\\_Geneticos.pdf](http://www.stf.jus.br/arquivo/cms/audienciasPublicas/anexo/Transcricoes_Armazenamento_de_Perfis_Geneticos.pdf)>. Acesso em: 20 jan. 2021.

<sup>362</sup> MAPES; KLOOSTERMAN; DE POOT, *op. cit.*, p. 5.

<sup>363</sup> GOODMAN-WILLIAMS, *op. cit.*, p. 291.

al. (06), Theodore Cross et al. (12), Solomon et al. (13) e Donald Johnson et al.<sup>364</sup> reforçam que, em razão da maioria dos autores de violência sexual ser conhecido da vítima, fornecendo a identidade do suspeito com maior frequência, a defesa mais comum às acusações é o consentimento. Esse padrão se repete no Brasil. Conforme os últimos dados fornecidos pelo FBSP, a taxa de pessoas conhecidas na relação entre vítima-autor foi de 75,9% apresentada pelo ABSP de 2019, com elevação para 84,1% no ABSP de 2020.<sup>365</sup>

Esses fatores fazem com que o valor imediato dos materiais biológicos nos crimes sexuais seja limitado e, em última análise, esse valor se dará em sua adição aos bancos de perfis genéticos para detecção de crimes futuros<sup>366</sup> e nos casos sem suspeitos, ainda que em menor número, mas não menos importante. O estudo de Samuel Ferreira et. al. (17) forneceu uma importante indicação de como os bancos de vestígios, independente dos bancos de referência, também tem o potencial de identificar suspeitos desconhecidos. Rebecca Campbell et al. (18 e 19), apesar de avaliarem apenas o potencial dessa ferramenta, sinalizaram a importância de uma ferramenta a mais para identificar condutas subsequentes de uma única pessoa, também enfatizado por John Burrows et al. (07). Como destacaram os autores, um suspeito conhecido em um caso, pode ser desconhecido em outro.

Entretanto, o estudo de Samuel Ferreira et. al. (17) limitou-se ao não especificar melhor quantos *matches* se referiam aos casos já resolvidos, aos casos identificados por meio do *forensic hit* e aos casos que excluíram o suspeito. O estudo de Rebecca Campbell et al. (18 e 19) também se limitou a utilizar amostras de SAKs antigos, uma vez que as conexões adicionais poderiam estar relacionadas a casos resolvidos por outros meios, como constatado no estudo de Joseph Peterson et al. (15). Chama atenção o fato de não ter sido localizado nenhum estudo com ênfase na análise da efetiva identificação de criminosos sexuais em série com desconhecidos, considerando ser o auxílio às resoluções de crimes sexuais uma das principais razões para a legitimação de bancos de perfis genéticos expansivos.

Já a utilidade dos bancos de perfis genéticos para a detecção de casos antigos envolvendo *backlog*, especialmente de crimes sexuais, depende de uma série de fatores. Em 2002, o Instituto Nacional de Justiça (NIJ) dos EUA estabeleceu algumas diretrizes antes do

<sup>364</sup> JOHNSON, Donald et al. Use of forensic science in investigating crimes of sexual violence: Contrasting its theoretical potential with empirical realities. **Violence Against Women**. v. 18. p. 193-222. 2012. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/1077801212440157>>. Acesso em: 16 jan. 2021. p. 215.

<sup>365</sup> Pela primeira vez, a ABSP de 2019 reuniu bases de dados com microdados dos registros policiais em todo o país. A amostra incluiu um total de 127.585 ocorrências de estupro e estupro de vulnerável entre 2017 e 2018 (p. 116-120). Em 2019, a amostra incluiu 61.235 registros completos (92,6% dos casos notificados), p. 132-136. Cf. FBSP, 2020.

<sup>366</sup> JOHNSON, *op. cit.*, p. 215.



processamento dessas amostras, que são de ordens: (i) *jurídicas*, como a (in)existência de prescrição; (ii) *tecnológicas*, como a natureza e condições das amostras coletadas e armazenadas; (iii) *práticas*, como a disponibilidade de vítimas/testemunhas e (iv) *disponibilidade de recursos humanos/financeiros*, para a análise das amostras e investigação dos casos.<sup>367</sup>

Essas orientações explicam os baixos resultados nos casos antigos do estudo de Joseph Peterson et al. (15) e se encaixam nos resultados de William Wells et al. (16), cuja análise fica prejudicada no estudo de Nígela Carvalho et al. (14), que não avaliou os resultados das 32 investigações. Considerando que o Governo Federal vem fomentando o processamento de *backlog* no Brasil, há discussões quanto à questão de priorização das amostras, com base em critérios pré-estabelecidos ou se todas devem ser testadas, não havendo consenso entre os estudos que abordaram essa temática. Todavia, novamente, o processamento dessas amostras pode, eventualmente, levar a detecções adicionais (Rebecca Campbell et al. ‘18 e 19’).<sup>368</sup>

É certo que há soluções para a maioria dos desafios encontrados. A alocação adequada de recursos, otimização do tempo de tipagem do DNA (como introdução de testes rápidos de DNA<sup>369</sup>), processamento de amostras de vestígios pendentes, capacitação dos profissionais da área de segurança, devido acompanhamento das correspondências acionadas pelos laboratórios forenses etc. Além disso, é preciso integração e boa comunicação entre os serviços periciais e de saúde (no caso de violência sexual) e entre os laboratórios e as autoridades policiais e promotores de justiça. Enfim, várias são as soluções que podem aumentar o potencial dos bancos de perfis genéticos e gerar um impacto significativo para a segurança pública.

Embora esses desafios possam ser amenizados e os resultados melhorados, outros superam a capacidade humana, principalmente com a tecnologia atualmente disponível. Poucas cenas de crimes deixam vestígios biológicos e, dessas, poucas são visitadas por profissionais em busca de elementos de provas forenses. Das cenas visitadas, não é incomum localizar os materiais biológicos degradados ou misturados, impossibilitando a extração de perfis genéticos ou possibilitando a extração apenas de perfis parciais. A dependência de um perfil genético de

<sup>367</sup> NATIONAL INSTITUTE OF JUSTICE (NIJ) et al. *op. cit.*, p. 13.

<sup>368</sup> CARVALHO, *op. cit.*, p. 29-38.

<sup>369</sup> *Rapid DNA analysis*, aprovado pela Lei 115-50 (EUA), de 2017, é uma iniciativa do FBI de um processo automatizado de desenvolvimento de um perfil genético de referência obtido a partir de um cotonete bucal. O objetivo é produzir um perfil genético do CODIS em duas horas, a fim de pesquisar crimes não resolvidos de “preocupação especial” enquanto uma pessoa detida está sob custódia policial. Esse sistema não permite amostras de cena do crime. O FBI está atualmente testando para implementar essa tecnologia. Cf. ESTADOS UNIDOS. FBI. **Rapid DNA**. Disponível em: <<https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis/ndis-statistics>>. Acesso em: 27 jan. 2020.

referência também limita seu potencial, uma vez que um suspeito pode nunca ter sido identificado criminalmente, seja em uma política restrita ou abrangente de identificação.

O valor probatório das correspondências de DNA depende de várias circunstâncias do fato (natureza do crime, lugar onde o material genético foi depositado, relação vítima-autor etc.), os quais revelam o papel que os bancos de perfis genéticos desempenham no contexto de uma investigação criminal.<sup>370</sup> A depender dessas circunstâncias, melhorias no tempo de tipagem do DNA e no *backlog* (também existente no Brasil), bem como na capacitação dos profissionais de segurança, podem não ser fatores relevantes para o esclarecimento de crimes, como argumentaram Theodore Cross et al. (12).

Em geral, os resultados sugerem que os bancos de perfis genéticos são úteis para um tipo específico de casos, por demandar o contato com a vítima ou com objeto da cena do crime, bem como envolve mais de uma ação em fatos criminosos.<sup>371</sup> Portanto, parece que os critérios, como a quantidade e natureza dos perfis forenses e não tanto a ênfase exclusiva na quantidade dos perfis de referência, devem receber melhor atenção, como indicou o estudo de Samuel Ferreira et. al. (17).

Sobre o eventual *efeito preventivo* que os bancos de perfis genéticos ocasionariam pela maior probabilidade de punição, Cesare Beccaria também ensinava que “a perspectiva de um castigo moderado, porém inflexível, provocará sempre uma impressão mais forte do que o vago temor de um suplício horrendo”. Não é o rigor da punição, mas a certeza dela.<sup>372</sup> Se algum efeito dissuasor é real, tentar identificá-lo não é uma tarefa fácil. Mas esse fato não impediu que algumas legislações, a exemplo da Lei nº 185 de 2004, da Pennsylvania, EUA, declarasse expressamente que os bancos de perfis genéticos são importantes na dissuasão de crimes repetidos pelo mesmo indivíduo.<sup>373</sup>

Os estudos aqui apresentados que tentaram quantificar efeitos dissuasores sofrem grandes limitações e apresentaram resultados contraditórios para crimes violentos e patrimoniais. Em primeiro lugar, o curto tempo analisado (entre um e cinco anos), pode sofrer interferências no tempo de encarceramento. Em segundo lugar, esse efeito pode ser impossível

<sup>370</sup> GABRIEL; BOLAND; HOLT, *op. cit.*, p. 398.

<sup>371</sup> AMANKWAA; MCCARTNEY, *op. cit.*, p. 45-55.

<sup>372</sup> BECCARIA, Cesare. **Dos delitos e das penas**. São Paulo: Martin Claret, 2014. (Tradução Torrieri Guimarães). p. 59.

<sup>373</sup> A Seção 4 da Lei 185 de 2004 é uma continuação da lei de 28 de maio de 1995. Segundo o § 2302. Policy: “The General Assembly finds and declares that:

(1) Forensic DNA testing is an important tool in criminal investigations, in excluding innocent individuals who are the subject of criminal investigations or prosecutions and in detecting and deterring repeated crimes by the same individual.”. Cf. Disponível em:

<<https://www.legis.state.pa.us/cfdocs/legis/LI/consCheck.cfm?txtType=HTM&ttl=44&div=0&chpt=23>>.

Acesso em: 23 jan. 2021.

de se medir devido a diversas variáveis, como mudança de *modus operandi* (uso de luvas), fatores socioeconômicos, políticas públicas alternativas, características pessoais (idade, sexo, estrutura familiar) etc. Em terceiro lugar, por várias razões, os estudos (21 e 22) e (23) construíram modelos que não são capazes de medir os efeitos nos níveis de criminalidade, uma vez que esses níveis podem estar sujeitos a influências inteiramente externas ao modelo.<sup>374</sup>

Avinash Bhati e Caterina Roman (20)<sup>375</sup> destacaram problemas na literatura em medir esses efeitos, dois deles posteriormente identificados nos estudos de Jennifer Doleac (21 e 22) e Anne Anker et al. (23): (a) nos estudos agregados, no qual se examina as taxas de crime em unidades geográficas, não se distingue qualquer resposta comportamental e a diferença entre causa e efeito; (b) em estudos experimentais ou quase experimentais, que examinam o impacto de políticas públicas (obtenção do perfil genético, por exemplo), comparando as taxas de criminalidade, quando não randomizados, também não estabelece facilmente a causa e efeito. Essa dificuldade permanece ainda que com sólidos instrumentos ou quando choques exógenos (por exemplo, novas leis de exigência de coleta de amostra biológica) sejam considerados para estabelecer a causa.

Ralph Taylor et al.<sup>376</sup> acrescentaram que as expansões legislativas aumentaram o problema do *backlog* (acúmulos de amostras pendentes de análise) nos EUA, sobrecarregando o sistema, o que pode estar minando eventuais efeitos dissuasores. Em sua visão, a demora no carregamento do perfil genético impede detecções de crimes futuros, pelo que os infratores podem ser encorajados a reincidir. Por outro lado, Jennifer Doleac (21) afirma ser extremamente improvável que as pessoas estivessem cientes do tamanho dos acúmulos de amostra se nem mesmo os formuladores de políticas estavam, há anos. Do contrário, direcionaria seus resultados para zero.<sup>377</sup> Além disso, a autora parte do pressuposto de que o efeito dissuasor começa no momento da coleta da amostra de DNA e não na data (desconhecida pelo infrator) em que o DNA foi analisado e o perfil foi carregado no sistema, apesar de seu método partir da exigência legal e não da efetiva coleta da amostra.<sup>378</sup>

Embora Ralph Taylor et al. e Jennifer Doleac (21) tenham argumentos convincentes, não se tem comprovação empírica de que os indivíduos internalizam as implicações de ter seu DNA coletado e armazenado para fins de persecução penal futura (ou passada). Ou, mesmo se

<sup>374</sup> AMANKWAA; MCCARTNEY, *op. cit.*, p. 47-48; 52.

<sup>375</sup> BHATI; ROMAN, *op. cit.*, p. 71-72.

<sup>376</sup> TAYLOR, Ralph B. et al. Revise policies mandating offender DNA collection. **Criminology & Pub. Pol'y**, v. 6, p. 851. 2007.

<sup>377</sup> A autora faz essa justificativa em uma nota de rodapé n. 8. DOLEAC, *op. cit.*, p. 169.

<sup>378</sup> DOLEAC, *op. cit.*, p. 171.

internalizam, se essa constatação faz alguma diferença em suas escolhas. Por exemplo, qual a influência exercida em autores envolvidos em crimes de violência doméstica<sup>379</sup> ou em pessoas injustamente condenadas? Nesse sentido, para identificar essas internalizações, um estudo randomizado, com abordagem de métodos mistos, que incluam autorrelatos de pessoas encarceradas pela primeira vez e registros criminais oficiais, é a melhor forma de avaliar a dissuasão percebida pelos efeitos isolados dos bancos de perfis genéticos.<sup>380</sup>

Soa temerário partir desses estudos para afirmar que há evidências empíricas de que bancos de perfis genéticos reduzem a reincidência. Acreditar no efeito dissuasor, continua sendo um ato de fé, ao ignorar as complexas características do comportamento humano, que incluem: (i) a não consciência da existência de banco de perfis genéticos; (ii) a incompreensão das implicações de ter seu DNA coletado; (iii) a tomada de precauções como estratégia de prevenção de detecção, o que Eric Beauregard e Martin Bouchard<sup>381</sup> chamaram de “consciência forense”; (iv) a influência de outros fatores, como uso drogas; (v) a disposição em correr o risco; ou (vi) a simples inexistência de cálculo racional ao praticar um fato criminoso.<sup>382</sup>

Todavia, os estudos são importantes e oferecem uma base para um estudo mais detalhado. Escrutinar essas metodologias é necessário, principalmente quando os autores defendem expandir a obtenção do perfil genético em razão dos possíveis benefícios dissuasores e/ou probatórios. Esses estudos foram amplamente citados na audiência pública referente ao RE 973.837, no STF, na maioria das vezes, para embasar o argumento de que a obtenção de perfis de referência pode ajudar a reduzir a alta taxa de reincidência no Brasil.<sup>383</sup> Entretanto, a dificuldade em isolar esses efeitos permanece, eis que os estudos estão situados dentro de um amplo debate sob o qual não há consenso, conforme reforça Vitor Simonis Richter.

<sup>379</sup> KRIMSKY; SIMONCELLI, *op. cit.*, cap. 17.

<sup>380</sup> TSELONI, Andromachi, PEASE, Ken. DNA retention after arrest: Balancing privacy interests and public protection. **European Journal of Criminology**. v. 8. p. 32-47. 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/1477370810372133>>. Acesso em: 30 jan. 2021. p. 44.; BHATI; ROMAN, *op. cit.*, p. 74 e 90.

<sup>381</sup> Eric Beauregard e Martin Bouchard estudaram os fatores de consciência forense em 222 crimes de estupro com pessoas condenadas no Canadá. Com resultados limitados, os autores constataram que os indivíduos exibem menos consciência sob a influência de drogas, enquanto outros são mais propensos a tomar precauções, mas tendem a direcionar esforços para encobrir suas identidades. Cf. BEAUREGARD, Eric; BOUCHARD, Martin. Cleaning up your act: Forensic awareness as a detection avoidance strategy. **Journal of Criminal Justice**. v. 38. p. 1160-1166, 2010. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.jcrimjus.2010.09.004>>. Acesso em 2 mar. 2021.

<sup>382</sup> RICE, Alec. Brave New Circuit: Creeping towards DNA Database Dystopia in US v. Wikert. **Roger Williams UL Rev.** v. 14. p. 691-798. 2009. Disponível em: <[https://docs.rwu.edu/rwu\\_LR/vol14/iss3/6](https://docs.rwu.edu/rwu_LR/vol14/iss3/6)>. Acesso em: 04 jan. 2021. p. 712.

<sup>383</sup> Sobre o assunto, ver: STF. **RE 973.837**. Plenário. Rel. Min. Gilmar Mendes. Armazenamento de perfis genéticos de condenados por crimes violentos ou hediondos. Audiência Pública. Brasília, 2017. Disponível em: <[http://www.stf.jus.br/arquivo/cms/audienciasPublicas/anexo/Transcricoes\\_Armazenamento\\_de\\_Perfis\\_Geneticos.pdf](http://www.stf.jus.br/arquivo/cms/audienciasPublicas/anexo/Transcricoes_Armazenamento_de_Perfis_Geneticos.pdf)>. Acesso em: 20 jan. 2021.

Essa dificuldade em isolar os efeitos se agrava quando se analisa a contribuição dos bancos de perfis genéticos para um eventual efeito incapacitante. Os resultados de Matthew Gabriel et al. (01), embora tenham se valido de uma amostra extremamente pequena, mostram que um *cold hits* teve uma contribuição para a detecção de crimes apenas após reiteradas prisões anteriores que ocorreram independentemente dos bancos de perfis genéticos. Essa constatação vai de encontro com ao que Brown (02) observou sobre investigação de casos após várias ocorrências anteriores.

Parece pertinente comparar a verificação de Simon Ashikhmin et al. (08) sobre sentenças mais duras envolvendo identificações via CODIS com as observações de Matthew Gabriel et al. (01).<sup>384</sup> Para esses últimos autores, os bancos de perfis genéticos podem reduzir a reincidência em crimes patrimoniais com várias rodadas de identificações de DNA. Associações repetidas podem, então, catalisar o ponto em que o sistema de justiça criminal busca a interrupção criminal duradoura, permitindo juntar casos, potencializando penas mais severas. A questão é saber o quanto essa tecnologia complementa os registros criminais, que tem suas limitações, mas que já desempenham esse papel.

De qualquer forma, como bem ressaltam Aaron Amankwaa e Carole McCartney<sup>385</sup>, a proporção de crimes que, potencialmente são, ou são, de fato, resolvidos pelos bancos de perfis genéticos é mínima. Além disso, nem todos os crimes são registrados ou esclarecidos, cujo efeito incapacitante atribuível a essa tecnologia, que também depende mais do tipo de providência jurisdicional tomada, será dificilmente registrado estatisticamente, embora passível de verificação em alguns casos individuais.

Finalmente, entre a utilidade dos bancos de perfis genéticos para identificar suspeitos ou *exonerar inocentes*, parece correto afirmar, ainda que provisoriamente, que sua real potencialidade está diretamente relacionada com a primeira, ao invés da segunda. Há duas razões para essa assertiva. Primeiro, geralmente a prova da inocência advém de uma exclusão do réu de um item probatório ou vários itens probatórios deixados pelo perpetrador (exame de DNA). Segundo, em alguns casos, quando uma busca no banco de perfis genéticos auxilia em uma exoneração é porque ele está apontando para outro suspeito, ao menos, o possível correto suspeito.<sup>386</sup> Ou seja, mesmo quando ela auxilia em uma exoneração, ela também incrimina.

Interessante notar que uma exclusão, que tem mais valor do que uma inclusão, por si só, e da mesma forma, nem sempre é suficiente para esclarecer os fatos. Na maioria das

<sup>384</sup> GABRIEL; BOLAND; HOLT, *op. cit.*, p. 408.

<sup>385</sup> AMANKWAA; MCCARTNEY, *op. cit.*, p. 47.

<sup>386</sup> INNOCENCE PROJECT. **DNA's Revolutionary Role in Freeing the Innocent**. 04.18.18. Disponível em: <<https://innocenceproject.org/dna-revolutionary-role-freedom/>>. Acesso em: 13 nov. 2020.

exonerações em que os bancos de perfis genéticos exerceram um papel importante, senão essencial, localizando o possível verdadeiro autor dos fatos (n = 12), o *offender hit* partiu do mesmo vestígio que excluiu previamente a pessoa inocente, mas que não foi o bastante para exonerá-la. Como declara Karen Thompson, Advogada Sênior do *Innocence Project*, “O DNA é claramente nossa ferramenta para provar a inocência, mas, infelizmente, muitas vezes se torna o primeiro de muitos passos, em vez do último passo para remediar uma injustiça profunda.”<sup>387</sup>

Deste modo, o papel dos bancos de perfis genéticos para exonerações não pode ser super enfatizado. Soma-se o fato de que nos casos analisados, a análise de vestígios antigos levou a muitas exclusões de pessoas inocentes, com base em seu perfil genético, cujas condenações ocorreram na era anterior aos exames de DNA<sup>388</sup> ou utilizando-se de tecnologias disponíveis à época (geralmente sorologia) que careciam da sensibilidade dos métodos e marcadores atuais. Com o desenvolvimento do método da PCR e dos marcadores STR, mini-STR, Y-STR e mtDNA, vários vestígios puderam ser realizados em testes pós-condenação, mas que hoje podem excluir suspeitos já na fase preliminar ao processo penal, com um exame direto de DNA.

Entretanto, como aconselham os representantes da empresa de *lobby* GTH-GA, enfatizar o potencial de projetos como o *Innocence Project* é uma estratégia importante para obter apoio dos opositores aos bancos de perfis genéticos. O que se silencia é o fato de que essas exonerações ocorrem somente após esforços extenuantes diante de vários entraves processuais, bem como que, apesar de os bancos de perfis genéticos serem úteis para auxiliar na exoneração de indivíduos inocentes, de longe é um requisito para fazê-lo.

Como se nota, os estudos fornecem alguns *insights* sobre os possíveis benefícios que se espera dessa tecnologia, porém os efeitos em grande escala de tais investimentos ainda são amplamente desconhecidos. As pesquisas que tentam quantificar esses benefícios estão surgindo apenas gradualmente, com resultados limitados, devido às dificuldades em medir os efeitos reais, necessitando de maiores pesquisas, a fim de atingir ao menos um consenso científico.

Há uma certa confusão na utilização dos conceitos de punição e prevenção de crimes na promoção dessa tecnologia.<sup>389</sup> Conquanto geralmente não há esse devido esclarecimento, a partir das métricas e dos estudos analisados, ainda sabemos muito pouco sobre a influência dos bancos de perfis genéticos na redução da impunidade (punição) dos autores de certos crimes e

---

<sup>387</sup> Tradução livre de: “it too often becomes the first of many steps instead of the last step in remedying a deep injustice.” Cf. INNOCENCE PROJECT. **DNA’s Revolutionary Role in Freeing the Innocent**. 04.18.18. Disponível em: <<https://innocenceproject.org/dna-revolutionary-role-freedom/>>. Acesso em: 13 nov. 2020.

<sup>388</sup> BIEBER, *op. cit.*, p. 226.

<sup>389</sup> SCHIOCCHET, *op. cit.*, p. 40.



muito menos para a redução da quantidade de ocorrência desses crimes (prevenção), os quais não estão necessariamente interligados.

Portanto, as compilações de dados inseridas em relatórios oficiais fornecem aos legisladores e analistas de políticas públicas informações inadequadas para julgar os efeitos dos bancos de perfis genéticos e seus eventuais benefícios na segurança pública.<sup>390</sup> Não obstante as exigências contínuas de expansão dos critérios de indexação, a ampla divulgação de histórias anedóticas, que servem de exemplos de eficácia, parece não refletir a realidade dessa tecnologia em termos de impactos mais amplos e sistemáticos, que depende dos seus reais efeitos positivos.

Em síntese, esse procedimento de produção específica de prova – a genética – comporta diversas problematizações que colocam em xeque os seus efeitos.<sup>391</sup> Logo, a teoria de que essa tecnologia fornece informações aos investigadores das quais, de outra forma, não se teria conhecimento, condiz com apenas uma parcela dos seus resultados, ainda não estimado no Brasil ou – ao que tudo indica – em qualquer país. As limitações dos bancos de perfis genéticos levaram os peritos, investigadores e estudiosos a pensarem em formas alternativas de potencializar o uso dessa tecnologia.

---

<sup>390</sup> BIEBER, *op. cit.*, p. 229-230.

<sup>391</sup> BORGES, Clara Maria Roman. Prefácio. In: SCHIOCCHET, Taysa; GARRIDO, Rodrigo Grazinolli. (Org.). **Bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal**: práticas periciais e impactos jurídico-sociais (I). 1 ed. Rio de Janeiro: Multifoco, 2018. p. 16-17.

## 4. FORMAS ALTERNATIVAS DE CONTRIBUIÇÃO

---

Seja qual for a política de coleta de DNA de suspeitos e/ou condenados, um *match* nem sempre será obtido. E a ausência de um *match* nos bancos de perfis genéticos impulsionou as forças investigativas a pensarem outras formas de encontrar um suspeito *por meio de* ou *com* a ajuda dessa tecnologia ou, ainda, utilizá-la de forma inteligente. O que será importante notar neste capítulo é que, igualmente ao desenvolvimento de novos marcadores genéticos informativos de interesse forense, novas funcionalidades dos bancos de perfis genéticos também estão sendo cada vez mais exploradas, aumentando a sua potencialidade para além da finalidade convencional à qual foram inicialmente criados.

### 4.1 A Pesquisa Familiar (Familial Searching)

Em sua abordagem tradicional, uma pesquisa nos bancos de perfis genéticos tem por objetivo encontrar uma correspondência completa entre todos os marcadores requeridos,<sup>392</sup> indicando que o perfil forense (vestígio) pertence ao perfil de referência (indivíduo) correspondente. Mas quando nenhuma correspondência é produzida, a *pesquisa familiar* (*familial searching*) é uma estratégia alternativa que permite estabelecer relações de parentesco entre a amostra questionada e possíveis parentes próximos (pais, filhos e irmãos) de um perfil de referência. O objetivo é identificar o autor de um crime que possa ser o parente de primeiro grau de alguém que esteja cadastrado no banco de referências. Uma espécie de extensão da abordagem tradicional.<sup>393</sup>

O FBI define busca familiar como “uma busca intencional ou deliberada do banco de dados realizada após uma busca de rotina com o propósito de potencialmente identificar parentes biológicos próximos da amostra forense desconhecida associada ao perfil da cena do crime.” Uma abordagem semelhante, mas que não se confunde com a busca familiar, são as correspondências parciais.<sup>394</sup> Nesse caso, um perfil candidato ao suspeito pode ser identificado

---

<sup>392</sup> Conforme figura 7 apresentada no subitem 1.3.

<sup>393</sup> DEBUS-SHERRILL, Sara; FIELD, Michael B. Familial DNA searching-an emerging forensic investigative tool. **Science & Justice**. v. 59. p. 20-28. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.scijus.2018.07.006>>. Acesso em: 01 fev. 2020. p. 20-21.

<sup>394</sup> Para fins didáticos, se adotará “pesquisa familiar” para abarcar as duas estratégias de pesquisa: a busca familiar e as correspondências parciais. Tradução livre de: “*Familial searching is an intentional or deliberate search of the database conducted after a routine search for the purpose of potentially identifying close biological relatives of the unknown forensic sample associated with the crime scene profile.*” Nem sempre essa diferenciação é feita na literatura sobre o tema. A pesquisa familiar para fins criminais também difere da genealogia genética forense, conduzida em bancos de dados de desaparecidos (finalidade civil) e com marcadores diversos, bem como da genealogia genética comercial que oferecem serviços de ancestralidade e outros. Cf. ESTADOS UNIDOS. FBI.

como não sendo idêntico ao perfil forense, mas devido à semelhança dos alelos compartilhados, o candidato pode ser um parente biológico próximo da fonte daquele perfil.<sup>395</sup>

Enquanto a busca familiar utiliza *softwares* projetados para identificar relacionamentos familiares, a correspondência parcial utiliza a funcionalidade do próprio CODIS em pesquisas de rotina com nível de rigor moderado,<sup>396</sup> que compartilham pelo menos um alelo em cada *locus*.<sup>397</sup> Ambas as abordagens são possíveis, embora a segunda, por si só, não seja ideal, em razão da pouca eficiência,<sup>398</sup> (exceto se houver alelos raros). Originalmente, pesquisas de rigor moderado são permitidas devido ao reconhecimento de que, muitas vezes, perfis forenses estão parcialmente degradados ou contêm misturas, produzindo apenas perfis parciais.<sup>399</sup> Mas no caso da pesquisa familiar, em geral, um perfil forense completo precisa estar disponível.<sup>400</sup> O anexo E exemplifica as hipóteses de pesquisas familiares com rigor moderado.

Como normalmente as pesquisas trazem milhares de candidatos, que podem ser falsos positivos ou falsos negativos,<sup>401</sup> filtros adicionais são utilizados (e recomendados) para reduzir a lista de candidatos. O uso de algoritmos genéticos (por exemplo, algoritmo de

---

**Frequently Asked Questions on CODIS and NDIS.** Disponível em: <<https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis/codis-and-ndis-fact-sheet>>. Acesso em: 24 out. 2020.

<sup>395</sup> Bancos de dados comerciais de genealogia genética, como GEDMatch, Ancestry.com, 23andMe, FamilyTreeDna também tem sido utilizado por autoridades policiais com o intuito de identificar o suspeito ou um parente do suspeito, quando não se tem nenhuma outra pista investigativa. Alguns casos de sucessos foram obtidos. O caso que recebeu destaque internacionalmente é o caso *Golden State Killer*, da Califórnia de 2018, embora não tenha sido o primeiro. As políticas de privacidade dessas empresas autorizam que essas buscas sejam feitas para “fins de aplicação da lei”, com algumas restrições e exigências, tais como um mandado judicial. O MyHeritage recentemente (dezembro de 2020) proibiu essa prática. Seu poder de informação, utilizando marcadores SNPs ultrapassa e muito a capacidade de informação dos cerca de 20 *loci* STR forenses. Cf. <<https://www.23andme.com/about/privacy/>>; <[https://www.gedmatch.com/Documents/tos\\_20210111.html](https://www.gedmatch.com/Documents/tos_20210111.html)>; <<https://www.myheritage.com.br/privacy-policy>>; <<https://www.familytreedna.com/legal/law-enforcement-guide>>; <<https://www.ancestry.com/cs/transparency>>; Cf. ROBBINS, Rebecca. **The Golden State Killer Case Was Cracked with a Genealogy Web Site**. Scientific American. April, 2018. Disponível em: <<https://www.scientificamerican.com/article/the-golden-state-killer-case-was-cracked-with-a-genealogy-web-site/>>. Acesso em: 25 fev. 2020.

<sup>396</sup> O rigor pode ser alterado manualmente, de alto para moderado ou baixo.

<sup>397</sup> DEBUS-SHERRILL; FIELD, *op. cit.*, p. 20-21.

<sup>398</sup> “Isso ocorre porque as medidas de similaridade na pesquisa do CODIS não são projetadas para capturar os tipos de similaridades especificamente encontrados em relacionamentos familiares, ao contrário de outros tipos de similaridade genética encontrados aleatoriamente na população.” Tradução livre de: “*This is because the measures of similarity in the CODIS search are not designed to capture the types of similarities specifically found in familial relationships, as opposed to other types of genetic similarity found randomly in the population.*” Cf. DEBUS-SHERRILL; FIELD, *op. cit.*, p. 20-21.

<sup>399</sup> Sobre isso, ver item 2.3 sobre marcadores aceitos no CODIS. Cf. SWGDAM. **Recommendations to the FBI Director on the “Interim Plan for the Release of Information in the Event of a ‘Partial Match’ at NDIS”**. October, 2009. Disponível em: <<https://www.swgdam.org/publications>>. Acesso em: 8 fev. 2020.

<sup>400</sup> MAGUIRE, Christopher N. et al. Familial searching: A specialist forensic DNA profiling service utilising the National DNA Database to identify unknown offenders via their relatives—The UK experience. **FSI: Genetics**, v. 8. p. 1-9. 2014. p. 2.

<sup>401</sup> Falso positivo são dois perfis genéticos de pessoas não relacionadas que correspondem a rigor moderado. Falso negativo são dois perfis genéticos de parentes verdadeiros que não são correspondências parciais.

compartilhamento de um alelo por *locus*), alelos raros e LRs (análise de frequência alélica) são as estratégias preferidas para identificar padrões de semelhança. Uma etapa subsequente é o uso de marcadores de linhagem para apoiar o parentesco, como Y-STR e mtDNA.<sup>402</sup> Metadados também são importantes, como dados geográficos, idade, etnia etc. O SWGDAM recomenda pesquisas iniciais em âmbito estadual ou interestadual (antes do âmbito nacional).<sup>403</sup>

A primeira etapa do processo da pesquisa familiar é informatizada. Em seguida, o material biológico retido referente ao perfil genético pode ser utilizado para acelerar a etapa de investigação, analisando, por exemplo, os marcadores de linhagem (considerados importantes para excluir falsas inclusões e evitar invasões desnecessárias de privacidade).<sup>404</sup> Uma vez localizado o parente em potencial, a polícia emprega o trabalho tradicional de investigação (checagem de antecedentes, álibis etc.). Em sendo mantida a suspeita, a coleta de DNA para confirmação do suspeito geralmente envolve a coleta de amostras biológicas abandonadas (*surreptitious*)<sup>405</sup> em locais públicas, solicitando uma amostra “voluntária” ou por meio de mandado judicial.<sup>406</sup>

Todo esse processo pode ser exemplificado na seguinte forma:

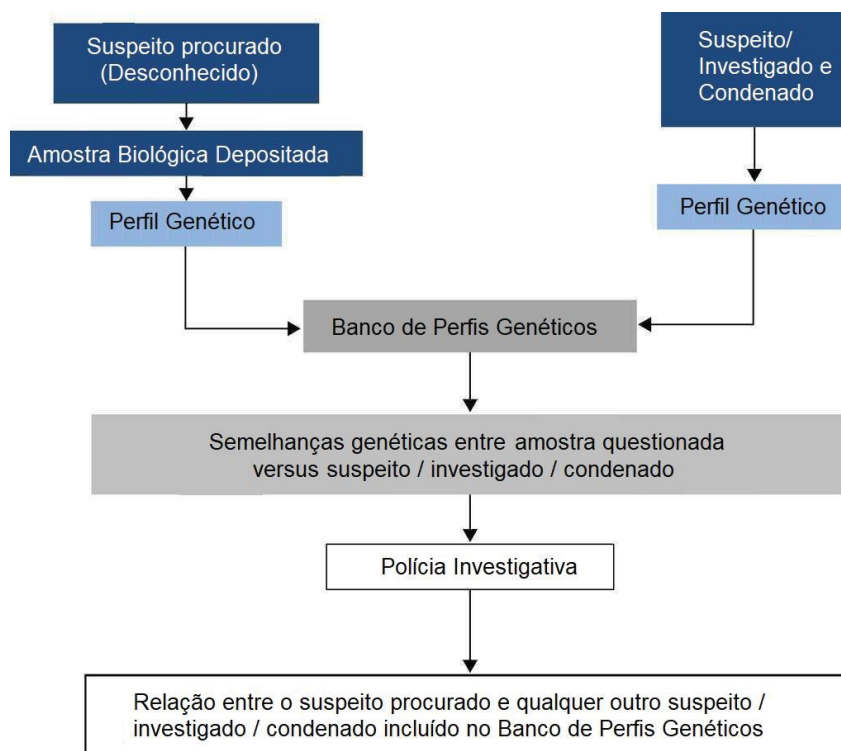
<sup>402</sup> Embora os perfis de referência para fins de identificação criminal atualmente não sejam tipados para mtDNA e normalmente não para Y-STR (mas aceitos no BNPG), isso pode ser feito se uma amostra biológica estiver disponível (retida) ou o teste é realizado com o parente em potencial. Cf. SWGDAM. **Recommendations to the FBI Director on the “Interim Plan for the Release of Information in the Event of a ‘Partial Match’ at NDIS”**. October, 2009. Disponível em: <<https://www.swgdam.org/publications>>. Acesso em: 8 fev. 2020. Mas ambos os marcadores podem ser utilizados, por exemplo, em bancos comerciais de genealogia genética.

<sup>403</sup> O tamanho do banco de perfis genéticos é fortemente influenciado nos resultados dessas pesquisas. Cf. DEBUS-SHERRILL; FIELD, *op. cit.*, p. 20-21.; SWGDAM. **Recommendations to the FBI Director on the “Interim Plan for the Release of Information in the Event of a ‘Partial Match’ at NDIS”**. October, 2009. Disponível em: <<https://www.swgdam.org/publications>>. Acesso em: 8 fev. 2020.

<sup>404</sup> CURRAN, James M.; BUCKLETON, John S. Effectiveness of familial searches. **Science & Justice**. v. 48. p. 164-167. 2008. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.scijus.2008.04.004>>. Acesso em: 05 fev. 2020. p. 164-165.; FORENSIC DNA EDUCATION FOR LAW ENFORCEMENT DECISIONMAKERS. Familial Searching. Process. Disponível em: <<https://projects.nfstc.org/fse/13/13-02.html>>. Acesso em: 05 fev. 2021.

<sup>405</sup> A constitucionalidade da coleta de amostras abandonadas em locais públicos tem sido questionada nos Tribunais dos EUA, cuja tendência tem sido pela constitucionalidade pela ausência de expectativa de privacidade no descarte de material genético. Sobre isso, ver: KRIMSKY; SIMONCELLI, *op. cit.*, cap. 6.

<sup>406</sup> DEBUS-SHERRILL; FIELD, *op. cit.*, p. 20-21.; GOV. UK. Home Office. **National DNA Database documents**. London, September, 2020. Disponível em: <<https://www.gov.uk/government/collections/dna-database-documents#reports>>. Acesso em: 05 jan. 2020.; FORENSIC DNA EDUCATION FOR LAW ENFORCEMENT DECISIONMAKERS. Familial Searching. Process, cont. Disponível em: <<https://projects.nfstc.org/fse/13/13-03.html>>. Acesso em: 05 fev. 2021.



**Figura 10 - Pesquisa Familiar.** Fonte: Adaptado de GARCÍA, Óscar; CRESPILO, Manuel; YURREBASO, Iñaki. Suspects identification through “familial searching” in DNA databases of criminal interest. Social, ethical and scientific implications. *Spanish Journal of Legal Medicine*. v. 43. p. 26-34. 2017. p. 28. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.remle.2017.02.002>>. Acesso em: 25 fev. 2021.

Normalmente, adotam-se critérios rígidos para pesquisa familiar, mas menos critérios são adotados para as correspondências parciais. Os critérios de elegibilidade, quando existentes, incluem: amostras de fonte única de vestígio e não degradados; eleição de crimes mais graves/violentos (com exceções para crimes patrimoniais) ou arquivados (*cold cases*); alto risco para a segurança pública; treinamentos específicos; esgotamento de todas as pistas investigativas; aprovação por um conselho/judiciário; restrição a tipos de perfis genéticos (condenados e/ou suspeitos); frequência restrita de pesquisas; e compromisso dos investigadores e promotores no prosseguimento do caso.<sup>407</sup>

Essa pesquisa tem uma série de restrições e desafios. Em primeiro lugar, é preciso que um parente do suspeito esteja cadastrado no banco de perfis genéticos. Em segundo lugar, mesmo que o parente esteja cadastrado, é possível que haja falsa exclusão, se o nível de rigor for alto, ou falsa inclusão, se o nível de rigor for baixo. Em último, é uma estratégia que exige

<sup>407</sup> DEBUS-SHERRILL; FIELD, *op. cit.*, p. 23.; ESTADOS UNIDOS. FBI. **Combined DNA Index System (CODIS)**. Disponível em: <<https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis>>. Acesso em: 24 out. 2020.; SWGDAM. **Recommendations to the FBI Director on the “Interim Plan for the Release of Information in the Event of a ‘Partial Match’ at NDIS”**. October, 2009. Disponível em: <<https://www.swgdam.org/publications>>. Acesso em: 8 fev. 2020.

recursos econômicos e humanos significativos, incluindo uma formação de força-tarefa entre agências policiais, laboratórios criminais e promotores de justiça, além desafios técnicos.<sup>408</sup> Alguns autores sugeriram adicionar, junto ao perfil de referência, informações adicionais sobre os parentes do perfil genético ou analisar, rotineiramente, os marcadores de linhagem.<sup>409</sup>

O tamanho dos bancos de perfis genéticos, apesar de dificultar a pesquisa, torna a pesquisa familiar mais eficaz.<sup>410</sup> Porém, considerando que poucos países ainda adotam essa estratégia (até onde se tem conhecimento), as pesquisas empíricas sobre sua eficácia se concentram em estimar probabilidades de encontrar um parente do verdadeiro autor do crime investigado. Essas pesquisas geralmente fazem simulações ou experimentos comparando a melhor a estratégia a ser utilizada (por exemplo, método de contagem de alelos vs. LRs, prevalecendo este último). Várias simulações já foram feitas visando a estimar seu potencial e, em geral, os pesquisadores têm relatado resultados positivos, indicando que essa abordagem pode ser valiosa como instrumento de investigação.<sup>411</sup>

Sara Debus-Sherrill e Michael B. Field,<sup>412</sup> em uma recente pesquisa nos EUA, revelaram que, dos 52 laboratórios criminais, representando 35 Estados, que realizam as duas pesquisas ou uma delas, apenas 5 laboratórios relataram ter alguma condenação em busca familiar e nenhum uso para fins de exoneração. O número de casos por laboratório variou bastante, entre 1 e mais de 100 casos, embora a maioria (63%) tenha relatado fazer uso em apenas até 5 casos. Não obstante, a maioria dos entrevistados acredita que tanto a busca familiar (87%), quanto as correspondências parciais (69%) têm potencial para auxiliar nas investigações criminais.

As justificativas para se adotar as pesquisas familiares vem de alguns pressupostos, que podem ser assim resumidos: (a) parentes próximos compartilham uma quantidade significativa

<sup>408</sup> ESTADOS UNIDOS. FBI. **Combined DNA Index System (CODIS)**. Disponível em: <<https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis>>. Acesso em: 24 out. 2020.; DEBUS-SHERRILL; FIELD, *op. cit.*, p. 26.; MAGUIRE, *op. cit.*, p. 4.

<sup>409</sup> GREELY, Henry T. et al. Family ties: the use of DNA offender databases to catch offenders' kin. **The Journal of Law, Medicine & Ethics**. v. 34. p. 248-262. 2006. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1748-720X.2006.00031.x>>. Acesso em: 26 fev. 2021. p. 254.; KIM, Joyce et al. Policy implications for familial searching. **Investigative Genetics**. v. 2. p. 1-9. 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1186/2041-2223-2-22>>. Acesso em: 6 mar. 2021. p. 7.

<sup>410</sup> MAGUIRE, *op. cit.*, p. 3.

<sup>411</sup> Sobre os esses estudos, ver: BIEBER, Frederick R.; BRENNER, Charles H.; LAZER, David. Finding criminals through DNA of their relatives. **Science**. v. 312. p. 1315-1316. 2006. p. 1315.; CURRAN, BUCKLETON, *op. cit.*, p. 164-165.; HICKS T. et al. Use of DNA profiles for investigation using a simulated national DNA database: Part II. Statistical and ethical considerations on familial searching. **Forensic Sci Int Genet**. v. 4. p. 316-322. 2010.; BIEBER, Frederick R., LAZER, David. Guilt by association: should the law be able to use one person's DNA to carry out surveillance on their family? Not without a public debate. **New Sci**. v. 184. p. 23-29. 2004.; MYERS, Steven P. et al. Searching for first-degree familial relationships in California's offender DNA database: validation of a likelihood ratio-based approach. **Forensic Sci Int Genet**. v. 5. p. 493-500. 2011.

<sup>412</sup> DEBUS-SHERRILL; FIELD, *op. cit.*, p. 23.



de alelos, estimados em 65% entre irmãos; (b) membros de uma família economicamente desfavorecidos tenderiam a residir em áreas geográficas próximas; (c) pesquisas indicam que o crime poderia estar parcialmente associado a um determinado nível econômico; (d) pesquisas indicam que membros da família de infratores poderiam estar envolvidos em comportamento ofensivo, devido ao ambiente em que convivem;<sup>413</sup> (e) pesquisas indicam que infratores tenderiam a cometer crimes em áreas geográficas onde vivem<sup>414, 415</sup>.

Assim, a pesquisa familiar é apresentada como mais uma ferramenta útil de investigações policiais, aumentando o número de resoluções de crimes. Abre-se uma nova linha de investigação quando todas as outras forem insuficientes.<sup>416</sup> A primeira condenação por meio dessa técnica ocorreu em 2004, no Reino Unido.<sup>417</sup> Mas, para Darryl Hunt, a pesquisa familiar trabalhou a seu favor. Condenado à prisão perpétua por homicídio e estupro, em 1984, foi libertado apenas em 2004, quando uma pesquisa familiar levou os investigadores à Willard E. Brown, por meio do perfil genético de seu irmão cadastrado no banco de perfis genéticos do Estado, com auxílio do *Innocence Project*. O novo suspeito acabou confessando o crime, em 2003.<sup>418</sup>

Se a abordagem tradicional já é alvo de inúmeros questionamentos, a pesquisa familiar as potencializa. As principais preocupações giram em torno da privacidade e da estigmatização. Pesquisadores sustentam que os sujeitos submetidos a esse tipo de monitoramento, nesse caso, inocentes, não renunciaram seus direitos em virtude de estarem sob o controle do Estado<sup>419</sup> e

<sup>413</sup> Christopher N. Maguire et al. citam, por exemplo, a pesquisa do *U.S. Department of Justice*, de 2008, revisado em 2010. Nessa pesquisa, com uma amostra de cerca de 1.500.000 detidos nas prisões do país, em meados de 2007, 58% das mães e 49% dos pais na prisão estadual relataram que tinham um membro da família que havia sido encarcerado (tabela 11). Cf. GLAZE, Lauren E.; MARUSCHAK, Laura M. Parents in Prison and Their Minor Children. **Bureau of Justice Statistics**. 08.08.2008. Revised 3/30/10. Disponível em: <<https://www.bjs.gov/index.cfm?ty=pbdetail&iid=823>>. Acesso em: 02 fev. 2020. Ver também: ROWE, David C. David P. Farrington. The Familial Transmission of Criminal Convictions. **Criminology**. v. 35. p. 177-202. 1997.; RAKT, Marieke van de. Like Father, Like Son: The Relationships between Conviction Trajectories of Fathers and their Sons and Daughters. **The British Journal of Criminology**. v. 48. p. 538-556. 2008.

<sup>414</sup> Sobre o assunto, ver: BERNASCO, Wim; NIEUWBEERTA, Paul. How do residential burglars select target areas?. **Brit. J. Criminol.** v. 44. p. 296-315. 2005.; Bernasco W, Kooistra T. Effects of residential history on commercial robbers' crime location choices. *Eur J Criminol*. v. 7. p. 251-265. 2010.

<sup>415</sup> MAGUIRE, *op. cit.*, p. 2.; GARCÍA, Óscar; CRESPILO, Manuel; YURREBASO, Iñaki. Suspects identification through "familial searching" in DNA databases of criminal interest. Social, ethical and scientific implications. **Spanish Journal of Legal Medicine**. v. 43. p. 26-34. 2017. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.remle.2017.02.002>>. Acesso em: 25 fev. 2021. p. 28-29.

<sup>416</sup> GARCÍA; CRESPILO; YURREBASO, *op. cit.*, p. 28-29.

<sup>417</sup> Sobre o caso, ver: <[http://news.bbc.co.uk/2/hi/uk\\_news/england/3640199.stm](http://news.bbc.co.uk/2/hi/uk_news/england/3640199.stm)>.

<sup>418</sup> Cumpre notar que exames de DNA, em 1990 e 1994, o excluíram da fonte do sêmen recuperado no corpo da vítima, mas que não foi o suficiente para exonerá-lo. Cf. CROMIE, William J. Catching criminals through their relatives' DNA. **The Harvard Gazette**. 05.18.2006. Disponível em: <<https://news.harvard.edu/gazette/story/2006/05/catching-criminals-through-their-relatives-dna-2/>>. Acesso em: 15 fev. 2020.

<sup>419</sup> BIEBER; BRENNER; LAZER, *op. cit.*, p. 1315.

que, de outra forma, não estariam envolvidos nessas investigações. O escrutínio das vidas de familiares pode interferir na compreensão familiar (relevando ausência ou presença de ligações genéticas que podem ser até então desconhecidas) e questões pessoais (como a descoberta da prática de um crime por um familiar).<sup>420</sup>

Os pressupostos citados (determinadas famílias tendem a viver na mesma área e a praticar crimes próximo de suas casas) também revelam confusões generalizadas entre parentesco genético e social, uma vez que famílias não são apenas constituídas de linhagens genéticas. Essas suposições acabam reproduzindo perspectivas implícitas sobre a prevalência da criminalidade em certos grupos familiares,<sup>421</sup> seja por razões genéticas ou sociais.<sup>422</sup> Essas assunções entre criminalidade, família e herança genética acabam sendo ainda mais legitimadas pela cientificidade das informações genéticas.<sup>423</sup>

De outro lado, Henry T. Greely et al.<sup>424</sup> e Joyce Kim et al.<sup>425</sup> enxergam esses argumentos como políticos e fracos, eis que as investigações decorrentes da pesquisa familiar causariam pouco ou nenhum dano, cujos métodos de investigações tradicionais são semelhantes. Acrescentam que o uso bem-sucedido da pesquisa familiar, com verificações em registros públicos, pode, inclusive, poupar inocentes de serem investigados pela polícia, direcionando as pistas investigativas e poupando detenções desnecessárias. Concluem que, da mesma forma que a abordagem tradicional, a busca familiar aumenta o potencial não apenas de apreender criminosos, mas revitalizar casos arquivados e exonerar inocentes.

Outro ponto debatido é que as pesquisas familiares são feitas mais pela falta de proibição explícita via legislativo do que por permissão explícita, porém a necessidade de uma legislação expressa autorizando a prática tem sido discutida. Para o *Forensic DNA Education*,<sup>426</sup> o objetivo comum das leis sobre bancos de perfis genéticos é a identificação de criminosos e essas leis não tratam sobre *como* as autoridades policiais poderiam usar essa tecnologia para atingir o propósito declarado. A pesquisa familiar, de igual modo à abordagem tradicional, pode agregar valor ao processo investigativo. Logo, exigir uma legislação seria confundir os meios

<sup>420</sup> GARCÍA; CRESPILO; YURREBASO, *op. cit.*, p. 30.

<sup>421</sup> *Loc. cit.*

<sup>422</sup> WILLIAMS, Robin; JOHNSON, Paul. Inclusiveness, effectiveness and intrusiveness: issues in the developing uses of DNA profiling in support of criminal investigations. **The Journal of Law, Medicine & Ethics**. v. 33. p. 545-558. 2005. p. 554.

<sup>423</sup> MACHADO, Helena et al. Vigilância genética, criminalização e coletivização da suspeição. In GOMES, S. et al. (Eds.). **Desigualdades Sociais e Políticas Públicas**: Homenagem a Manuel Carlos Silva. pp. 529-548. Vila Nova de Famalicão: Húmus, 2018. p. 538.

<sup>424</sup> GREELY, *op. cit.*, p. 255-258.

<sup>425</sup> KIM, *op. cit.*, p. 8.

<sup>426</sup> É um projeto de vários especialistas apoiado pelo NIJ para educar autoridades policiais sobre questões políticas e práticas relacionadas ao uso de DNA para investigar crimes.

com o propósito legalmente explícito.<sup>427</sup> É possível que de acordo com esse entendimento, os países que adotaram ou estão adotando essa estratégia não buscaram mudanças legislativas.

O Reino Unido, por ser o primeiro país a adotar a pesquisa familiar em 2003, oferecido inicialmente pelo FSS, possui mais experiência em conduzir essas pesquisas. Segundo o relatório do NDNAD de 2012-13,<sup>428</sup> até esse ano, a busca familiar identificou um parente em 53 casos graves, levando a polícia ao suspeito em casos no qual não se tinha outras pistas, resultando em 38 condenações. Devido ao custo e pessoal necessário para realizar essas buscas, restringe-se para os crimes mais graves, condicionada a aprovação do *NDNAD Strategy Board*. A cada ano, cerca de 15 a 30 buscas são feitas anualmente.<sup>429</sup> Não há uma legislação específica.

Nos EUA, a pesquisa familiar não é utilizada em âmbito federal, apenas em âmbito estadual (SDIS) e local (LDIS), por recomendação do SWGDAM. Em uma pesquisa recente, 12 laboratórios de 11 Estados (Flórida, Pennsylvania, Califórnia, Colorado, Flórida, Michigan, Texas, Utah, Virgínia, Wisconsin e Wyoming) afirmaram fazer uso da pesquisa familiar desde 2007. Outros 40 laboratórios de 24 Estados relataram fazer uso da correspondência parcial.<sup>430</sup> Apenas Colorado e Califórnia alteraram suas legislações. Duas jurisdições, Maryland (§ 2-506) e o Distrito de Columbia (§ 22-4151), aprovaram leis proibindo expressamente essa pesquisa.<sup>431</sup>

Outros países como Holanda (151da), Austrália (sem legislação), Nova Zelândia (sem legislação), França (sem legislação), Espanha (sem legislação), China (sem legislação), Hungria (sem legislação) já realizaram/realizam a pesquisa familiar. Canadá (*DNA Identification Act*) também não permite essa prática, embora não a proíba expressamente. Na recente pesquisa de Ronaldo Silva Jr. et al.<sup>432</sup>, em quinze países latino-americanos, dos nove países que possuem bancos de perfis genéticos para fins criminais, incluindo o Brasil, a pesquisa familiar não é regulamentada em nenhum deles, bem como não é adotada na rotina dos laboratórios.

A redação original da brasileira Lei nº 12.654/12 nada mencionou a respeito, como a maioria das legislações estrangeiras, cujo tema não era uma preocupação quando as leis foram

<sup>427</sup> FORENSIC DNA EDUCATION FOR LAW ENFORCEMENT DECISIONMAKERS. Partial Matches. Considerations. Disponível em: <<https://projects.nfstc.org/fse/13/13-07.html>>. Acesso em: 05 fev. 2021.

<sup>428</sup> Nos relatórios dos anos posteriores não há essa informação, sendo essa a mais atualizada. Christopher N. MAGUIRE et al., em um artigo publicado em 2014, relataram um total de 188 investigações entre 2003 e 2011, levando à identificação de 32 (17%) suspeitos (incluindo 6 suspeitos falecidos e 1 absolvição), com 70 casos em andamento. Cf. MAGUIRE, *op. cit.*, p. 1.

<sup>429</sup> GOV. UK. Home Office. **National DNA Database documents**. London, September, 2020. Disponível em: <<https://www.gov.uk/government/collections/dna-database-documents#reports>>. Acesso em: 05 jan. 2020.

<sup>430</sup> Participaram da pesquisa 103 laboratórios, representando 48 Estados. Cf. DEBUS-SHERRILL; FIELD, *op. cit.*, p. 23.

<sup>431</sup> ESTADOS UNIDOS. FBI. **Combined DNA Index System (CODIS)**. Disponível em: <<https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis>>. Acesso em: 24 out. 2020.

<sup>432</sup> SILVA JUNIOR, Ronaldo Carneiro da et al. *op. cit.*, p. 3.

inicialmente criadas.<sup>433</sup> Mas como vimos, recentemente a referida lei passou a proibir o uso da amostra biológica para fins de busca familiares, ao que parece ter abarcado as duas formas de pesquisa familiar.<sup>434</sup> Percebe-se a importância de a previsão legislativa ser clara quanto à proibição ou permissão dessa prática, a fim de que a pessoa conheça os limites da intervenção do seu perfil genético armazenado, a despeito da posição do *Forensic DNA Education*.

Entretanto, mesmo nos países/estados em que a legislação proíbe ou não permite o uso da pesquisa familiar, permanece a discussão sobre sua viabilidade, à medida em que seu uso se amplia no resto do mundo.<sup>435</sup> Em breve, essa prática pode se tornar uma reivindicação dos profissionais de segurança no País, principalmente considerando que a decisão de proibir essa prática foi recebida com críticas por parte da APCF, entendida pela Associação como um grande prejuízo do combate à impunidade, em razão da redução da atuação da ferramenta.<sup>436</sup>

Nos países que praticam a pesquisa familiar por falta de proibição, somado a uma prática emergente, poucas informações são divulgadas sobre as práticas e políticas envolvidas no uso dessas estratégias. As políticas acabam sendo escritas em manuais de laboratório de DNA ou em códigos administrativos.<sup>437</sup> Geralmente, a técnica é desenvolvida como um “impulso técnico”, cujos processos de governança são desenvolvidos conforme a técnica prática evoluiu.<sup>438</sup> Em se tratando de policiamento, novas estratégias tendem a ser tomadas por uma rede pequena de provedores de ciência forense, consultores jurídicos e investigadores, antes de chegarem à atenção do público, caso não haja uma proibição expressa na legislação.<sup>439</sup>

Com a possibilidade de pesquisa familiar, as provas oriundas dos bancos de perfis genéticos originam novos problemas ou acentuam outros problemas já estabelecidos em relação

<sup>433</sup> FORENSIC DNA EDUCATION FOR LAW ENFORCEMENT DECISIONMAKERS. **Familial Searching.** Considerations. Disponível em: <<https://projects.nfstc.org/fse/13/13-07.html>>. Acesso em: 05 fev. 2021.

<sup>434</sup> O PL 6.341/2019, que veio a promulgar parcialmente a Lei 13.964, de 2019, previa no § 5º do art. 9º-A da LEP a seguinte redação: “a amostra biológica coletada só pode ser utilizada para o único e exclusivo fim de permitir a identificação pelo perfil genético, vedadas as práticas de fenotipagem genética ou de busca familiar.” Referido artigo foi vetado pelo Presidente da República. Como justificativa do veto, foi argumentado que contrariava o interesse público por ser uma técnica que pode auxiliar na elucidação de crimes graves, a exemplo de gêmeos idênticos (por compartilharem o mesmo perfil genético) e na busca do autor de um crime de estupro que resulte em gravidez, caso a gestação seja levada a termo. Porém, recentemente, o referido veto foi derrubado, vindo a promulgar a proibição expressa da pesquisa familiar. Todavia, em 19.04.2021, o CN derrubou o referido veto e o artigo foi novamente inserido na legislação.

<sup>435</sup> Sobre discussões no Canadá, ver: <<https://www.ottawasun.com/2017/01/07/family-member-dna-searches-could-help-crack-canadian-cold-cases>>.

<sup>436</sup> Sobre as manifestações na mídia, consultar: <<https://apcf.org.br/noticias/na-midia-apcf-se-manifesta-contraderrubada-de-vetos-do-dna/>>.

<sup>437</sup> FORENSIC DNA EDUCATION FOR LAW ENFORCEMENT DECISIONMAKERS. Partial Matches. FBI Interim Plan for Partial Matches. Disponível em: <<https://projects.nfstc.org/fse/12/12-13.html>>. Acesso em: 05 fev. 2021.

<sup>438</sup> MAGUIRE, *op. cit.*, p. 3.

<sup>439</sup> WILLIAMS; JOHNSON, *op. cit.*, p. 547-552.

às técnicas investigativas envolvendo materiais biológicos.<sup>440</sup> Nesse momento, verifica-se que essa tecnologia tem capacidade de evidenciar não apenas indivíduos, mas famílias inteiras geneticamente relacionadas, incluindo aqueles que não estão indexados, transformando todos os parentes das pessoas cadastradas em suspeitos ou bancos de perfis genéticos em informantes genéticos.<sup>441</sup>

Em suma, a pesquisa familiar é uma estratégia de investigação forense emergente, que visa a fornecer um serviço de inteligência ao sistema de justiça criminal, um novo mecanismo de busca ao ampliar o escopo das pesquisas realizadas nos bancos de perfis genéticos, o que poderia aumentar a sua eficácia.<sup>442</sup> Em última análise, a pesquisa familiar é o exemplo mais claro de que o DNA não apenas categoriza indivíduos únicos, mas categoriza redes de indivíduos,<sup>443</sup> não fazendo mais sentido falar em “impressão digital genética”, inicialmente cunhada por Alec Jeffrey.

#### 4.2 Rede de Arrastos de DNA (DNA Dragnet ou DNA sweep)

“Redes de arrastos”, “arrastão de DNA”, “varreduras de DNA” ou *DNA Dragnet* podem ser entendidas “como uma situação em que a polícia pede aos indivíduos que doem amostras voluntárias de DNA em um esforço para identificar o autor de um crime ou uma série de crimes”.<sup>444</sup> Em outras palavras, as redes de arrastos consistem em uma busca por um suspeito quando não se tem nenhum. Com um baixo grau de especificidade, policiais solicitam o DNA de dezenas de indivíduos que se encaixam em uma descrição física do suspeito (por exemplo, sexo, faixa etária, raça/etnia).<sup>445</sup> Como as descrições são flexíveis, milhares de pessoas inocentes são solicitadas a fornecer amostras de DNA.

Os arrastos de DNA costumam ser geograficamente focados. O caso do vilarejo de *Narborough*, Inglaterra,<sup>446</sup> marcou o primeiro arrasto de DNA. Naquela ocasião, o verdadeiro

<sup>440</sup> BONACCORSO, *op. cit.*, p. 18.

<sup>441</sup> MURPHY, Erin; TONG, Jun H. The racial composition of forensic DNA databases. *Calif. L. Rev.* v. 108. p. 1847-1911. 2020. p. 1856-1859. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.3477974>>. Acesso em: 27 fev. 2021. p. 1847.

<sup>442</sup> MAGUIRE, *op. cit.*, p. 3.

<sup>443</sup> CHOW-WHITE, Peter A., DUSTER, Troy. Do Health and Forensic DNA Databases Increase Racial Disparities?. *PLoS Med.* v. 8. p. 1-3. 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1001100>>. Acesso em: 27 fev. 2021. p. 2.

<sup>444</sup> Tradução livre de: “as a situation where the police ask individuals to give voluntary DNA samples in an effort to identify the perpetrator of a crime or series of crimes.” Nos EUA, a prática foi levada aos tribunais sob a alegação de violação aos direitos previstos na Quarta Emenda. Cf. WALKER, Samuel. POLICE DNA “SWEEPS” EXTREMELY UNPRODUCTIVE: A National Survey of Police DNA “Sweeps”. **Department of Criminal Justice. University of Nebraska at Omaha.** September, 2004. Disponível em: <<https://samuelwalker.net/issues/dna-sweep-arrests>> Acesso em: 08 fev. 2021. p. 2.

<sup>445</sup> KRIMSKY; SIMONCELLI, *op. cit.*, cap. 3.

<sup>446</sup> Relembre o caso no capítulo 1.



autor dos crimes não foi identificado diretamente pela coleta em massa, mas em razão dela. Nos últimos anos, redes de arrastos tem crescido cada vez mais, como mais uma estratégia de investigação criminal. Segundo o FGPI,<sup>447</sup> em países onde a legislação autoriza a coleta voluntária, como a Alemanha, que passou a autorizar, a partir de 2005, tornou-se rotina evitar uma ordem judicial. As pessoas sob custódia ou confrontadas de outra forma pela polícia geralmente acabam não insistindo na obtenção de um mandado judicial.

Esses arrastos podem envolver um número pequeno, como uma área de uma aldeia ou, às vezes, de toda a população adulta de uma cidade que vive ou trabalha nas proximidades. Até onde se tem conhecimento, o maior arrasto de DNA ocorreu na Alemanha, com a coleta de 11.200 amostras biológicas, na busca de um suspeito de matar uma criança de 11 anos, na cidade de Cloppenburg, em 1998. A amostra “3889” rendeu uma correspondência. Uma segunda análise foi confirmada e o suspeito confessou o crime.<sup>448</sup>

Intimidação policial, sucessivas abordagens para coleta de amostras “voluntárias” e relutância pública em cooperar são geralmente citadas como consequências dessas redes de DNA.<sup>449</sup> Sheldon Krinsky e Tania Simoncelli<sup>450</sup> questionam se esses arrastos são inerentemente coercitivos. Em alguns casos, a coleta se transforma realmente em coerção, como a ameaça de obtenção de um mandado judicial ou arrastar o nome da pessoa para a mídia.<sup>451</sup> Como essa abordagem é conduzida sem um mandado judicial, uma causa provável ou uma suspeita individual, a recusa acaba se transformando automaticamente em suspeita, embora possa haver razões pessoais para uma recusa.

O uso dessas redes acaba exigindo que a população local prove sua inocência, em vez de a polícia levantar suspeitas contra indivíduos determinados.<sup>452</sup> Inclusive, as amostras coletadas geram outras preocupações para além daquelas amostras de pessoas já obrigadas a fornecerem seu DNA por força de lei. Será possível reter e utilizar amostras doadas voluntariamente para uma investigação específica em outros casos, futuros ou passados? Essa tática transformaria pessoas em suspeitos sem uma suspeita.<sup>453</sup> No mínimo, os arrastos de DNA

<sup>447</sup> THE FORENSIC GENETICS POLICY INITIATIVE. “**Stop the DNA Collection Frenzy!**”: Expansion of Germany’s DNA Database. Disponível em: <<http://dnapolicyinitiative.org/>>. Acesso em: 15 fev. 2021.

<sup>448</sup> ENFSI. Report on Criminal Cases in Europe solved by ILS (DNA Mass Testing). **24 th ENFSI DNA Working Group meeting in Bled**, 2006.; KRINSKY; SIMONCELLI, *op. cit.*, cap. 3.

<sup>449</sup> MCCARTNEY, Carole. The DNA expansion programme and criminal investigation. **British Journal of Criminology**. v. 46. p. 175-192, 2006. Disponível em: <<https://doi.org/10.1093/bjc/azi094>>. Acesso em: 2 out. 2020. p. 179.

<sup>450</sup> KRINSKY; SIMONCELLI, *op. cit.*, cap. 3.

<sup>451</sup> Ver caso *Kohler v. Englade*. Disponível em: <<https://caselaw.findlaw.com/us-5th-circuit/1004290.html>>.

<sup>452</sup> ENFSI. Report on Criminal Cases in Europe solved by ILS (DNA Mass Testing)...*loc cit.*

<sup>453</sup> KRINSKY; SIMONCELLI, *op. cit.*, cap. 3.



podem também se tornar uma prática necessária da investigação policial para solucionar crimes graves, como já ocorre em vários países do mundo.

Geralmente restrita a casos graves envolvendo assassinatos e/ou estupros, ocasionalmente, essas redes de arrastos têm fornecido resultados, mas sua eficácia é questionável por raramente produzir pistas investigativas sólidas. Primeiro, porque depende da “voluntariedade” de várias pessoas a cederem seu material biológico, sem qualquer suspeita ou pista concreta. Segundo, porque a estratégia não se limita no tempo, mas se limita na questão geográfica. Se o verdadeiro autor do crime estava de passagem, essa estratégia não terá muito valor. Terceiro, porque talvez o maior desafio dos arrastos de DNA seja tentar detectar um crime por meio de uma exclusão.<sup>454</sup> Portanto, a sua utilidade acaba sendo custosa e limitada.<sup>455</sup>

Samuel Walker<sup>456</sup> estudou a frequência com que as varreduras de DNA são utilizadas nos EUA e quão bem-sucedidas essas estratégias são na identificação de suspeitos. O estudo identificou, por meio de pesquisa convencional na web (podendo ter ocorrido mais) e no banco de dados da biblioteca da Universidade de Nebraska-Omaha, 18 casos de “varreduras” ocorridas em âmbito nacional, entre 1986 e 2004, cujas coletas envolveram entre 18 e 2.300 pessoas em cada caso. Todos os casos envolveram homicídio e/ou crimes sexuais em que a polícia solicitou amostras de DNA com o intuito de identificar um suspeito.

O autor concluiu que as varreduras foram extremamente improdutivas como técnica investigativa. O único caso resolvido por meio desses arrastos envolveu o número de 25 pessoas. O caso envolveu um crime sexual de uma residente em uma casa de repouso. A polícia foi capaz de identificar o suspeito solicitando amostras entre aqueles que tiveram acesso à vítima e trabalhavam no local, posteriormente compatibilizando com a vítima. Com base em sua pesquisa, o autor recomendou que as agências de aplicação da lei não realizassem varreduras com base em descrições genéricas de perfis de suspeitos.

Com um resultado oposto, uma pesquisa da *ENFSI DNA Working Group* sobre aspectos legislativos, técnicos e práticos na execução de arrastos de DNA para solucionar crimes graves em vários países da Europa foi apresentada no *24th ENFSI DNA Working Group meeting in Bled*, na Eslovênia, em abril de 2006. Foram analisadas 439 telas, das quais 315 (72%) tiveram sucesso na identificação do suspeito. O estudo concluiu que a estratégia é um método útil na

---

<sup>454</sup> *Ibidem*, cap. 3.

<sup>455</sup> MCCARTNEY, *op. cit.*, p. 179.

<sup>456</sup> Tradução livre de: “as a situation where the police ask individuals to give voluntary DNA samples in an effort to identify the perpetrator of a crime or series of crimes.” Cf. WALKER, *op. cit.*, p. 102.

resolução de crimes quando nenhuma outra pista de investigação estiver disponível. Entretanto, o relatório não especificou a metodologia utilizada ou maiores detalhes dos casos.<sup>457</sup>

Em que pese não se saber ao certo a eficácia das redes de arrastos, essa estratégia pode se mostrar atraente, principalmente se novas pistas podem surgir por vias transversas, como no caso ocorrido em *Narborough*, Inglaterra. Novas suspeitas, geralmente, partem de uma recusa ou podem levar a um parente em potencial, conjugando o uso dessas redes com a técnica da pesquisa familiar, por exemplo. De outro lado, métodos como esses podem afastar a confiança da opinião pública nos agentes de segurança, que se veem obrigados a “cooperar”.<sup>458</sup>

Alguns países aprovaram leis específicas e outros adotaram regulamentos que definem os critérios de qualidade e os subgrupos de pessoas que serão afetadas nessas telas.<sup>459</sup> No Brasil, a Lei nº 12.654/2012 nada menciona a respeito da coleta em massa e da coleta doada voluntariamente.<sup>460</sup> Essas práticas acabam sendo realizadas diante de uma lacuna permissiva, uma vez que não violam, *a priori*, nenhuma proibição legal. A coleta doada voluntariamente ou com consentimento, geralmente, não é algo questionado ou visto como um problema na doutrina nacional.<sup>461</sup> A questão é *como* eventuais consentimentos se materializam na prática. Além disso, uma das grandes preocupações tem sido a possibilidade de retenção dos perfis de referência obtidos com essa estratégia, muitas vezes mantidos em bancos “paralelos” ou “não oficiais”.<sup>462</sup>

Assim como a pesquisa familiar, os arrastos de DNA originam novos problemas ou acentuam outros problemas já estabelecidos em relação às técnicas investigativas envolvendo materiais biológicos. Essa questão em específico praticamente não foi abordada entre acadêmicos e juristas do direito até o momento, merecendo maior debate devido às suas implicações. E uma alternativa pouco mencionada na literatura nacional é o uso estratégico dos bancos de perfis genéticos enquanto policiamento baseado em inteligência policial, que pode ou manter os questionamentos atuais ou se tornar uma solução mais efetiva.

<sup>457</sup> ENFSI. Report on Criminal Cases in Europe solved by ILS (DNA Mass Testing)...*loc cit.*

<sup>458</sup> KRIMSKY; SIMONCELLI, *op. cit.*, cap. 3.

<sup>459</sup> ENFSI. Report on Criminal Cases in Europe solved by ILS (DNA Mass Testing)...*loc cit.*

<sup>460</sup> De acordo com a Clínica de Direitos Humanos da Universidade Federal do Paraná (CDH-UFPR), além da presunção de inocência e do direito à não autoincriminação, já afetados pela abordagem tradicional, a coleta em massa de DNA violaria os direitos da personalidade do indivíduo. Para ter seu perfil genético coletado, a amostra biológica ficaria exposta a mau uso. Não apenas isso, evidencia a fragilidade do consentimento, cuja população alvo poderá não compreender as implicações de ter seu DNA coletado. Cf. CLÍNICA DE DIREITOS HUMANOS|BIOTECJUS (CDH|UFPR), *op. cit.*, p. 89.

<sup>461</sup> LOPES JR, *op. cit.*, p. 481-484.; PITOMBO, *op. cit.*, p. 10.; MARCÃO, *op. cit.*, p. 50-51.

<sup>462</sup> KRIMSKY; SIMONCELLI, *op. cit.*, cap. 3.

### 4.3 Entre Ciência e Inteligência Forense

O relatório de boas práticas da FGPI<sup>463</sup> reforça que os perfis forenses também podem desempenhar um papel importante na inteligência policial, observação também enfatizada no estudo de John Burrows et al. (07).<sup>464</sup> Segundo os autores, é preciso dar maior ênfase na identificação de padrões e ligações que os materiais forenses oferecem em vez de apenas detectar crimes individuais. De uma perspectiva de pesquisa, os bancos de perfis genéticos também podem ser explorados enquanto policiamento baseado em inteligência, tratando de compreender o problema criminal e elaborar estratégias para lidar com ele, o que vai além de simplesmente detectar e medir essas detecções. Essa ciência oferece uma perspectiva sobre a criminalidade, quando combinada com outras informações.<sup>465</sup>

Veja-se que a ferramenta fornece uma possibilidade operacional e de pesquisa criminológica. Em ambos os casos, pesquisadores têm utilizado os bancos de perfis genéticos para examinar redes de crimes e o comportamento espacial de suspeitos desconhecidos e/ou conhecidos. Exclusivamente para pesquisas criminológicas, os bancos de perfis genéticos fornecem mais uma fonte de dados sobre *carreiras criminais*.<sup>466</sup> Isso é possível devido ao fato de essa tecnologia possibilitar a vinculação de diferentes cenas de crimes ligando diferentes suspeitos (conhecidos ou desconhecidos). Patrick P. J. M. H. Jeuniaux et al.<sup>467</sup> sustentam que essas informações podem orientar políticas criminais, como alocações adequadas de recursos.

Sabine DeMoor,<sup>468</sup> no entanto, chama atenção para a importância de diferenciar a ciência forense da inteligência forense, embora ambas se refiram a rastreamento de DNA por meio de bancos de perfis genéticos. Enquanto a ciência forense trata do uso operacional (com casos reais) do policiamento baseado em bancos de dados, a inteligência forense trata do uso estratégico do policiamento baseado em inteligência. Enquanto a ciência forense é reativa (pós-crime) e se preocupa com a detecção do crime, a segunda é proativa, cujo objetivo é a prevenção, redução e controle do crime.

<sup>463</sup> THE FORENSIC GENETICS POLICY INITIATIVE. *Establishing...op. cit.*, p. 34.

<sup>464</sup> BURROWS, *op. cit.*, p. 53.

<sup>465</sup> MCCARTNEY, *op. cit.*, p. 180-181.

<sup>466</sup> STRUYF, *op. cit.*, p. 377.

<sup>467</sup> JEUNIAUX, Patrick. et al. Establishing networks in a forensic DNA database to gain operational and strategic intelligence. *Secur J.* v. 29. p. 584–602. 2016. Disponível em: <<https://doi.org/10.1057/sj.2015.31>>. Acesso em: 5 nov. 2020. p. 590.

<sup>468</sup> DE MOOR, Sabine. **Forensic DNA databases as data sources for criminological research**. Tese de Doutorado. Ghent University. 2018. Disponível em: <<https://biblio.ugent.be/publication/8581556>>. Acesso em: 2 nov. 2020. p. 6-7.

Entretanto, Sabine DeMoor ressalta que ciência e inteligência forense não são disciplinas completamente distintas, uma vez que se complementam, pois é a partir da ciência forense, por meio de varreduras de DNA, que fontes de inteligência podem ser utilizadas para uma melhor compreensão dos padrões gerais de ações criminosas. Na prática, com o uso de ambas vinculadas, essa diferença pode desaparecer, a exemplo do exame de redes de crimes no tempo e no espaço. Inclusive, pode influenciar um debate científico sobre os critérios de escolha dos crimes que deveriam se qualificar para obtenção e retenção de perfil genético em bancos de dados.<sup>469</sup> A autora se refere a uma passagem de Kristina Staley, da *GeneWatch*, que melhor exemplifica a interação entre ciência forense e inteligência forense:

Um banco de dados que inclui as pessoas com maior probabilidade de reincidência pode ajudar a deter esses criminosos e, se não, ajudar a capturá-los se eles reincidirem. Isso exigiria que o NDNAD [UK] refletisse uma melhor compreensão dos padrões de crime dos infratores e sua probabilidade de reincidência.<sup>470</sup>

Alguns estudos sobre pesquisas criminológicas utilizando bancos de perfis genéticos já foram produzidos e algumas vantagens são destacadas. As pesquisas criminológicas e de inteligência forense que se baseiam em registros criminais e judiciais apenas fornecem informações sobre crimes detectados ou denunciados. Já os bancos de perfis genéticos estendem a inteligência forense para suspeitos desconhecidos, registrados nos bancos de perfis genéticos de vestígios, os quais podem ser vinculados a diferentes cenas de crimes e a outros coagentes.<sup>471</sup> Sabine DeMoor<sup>472</sup> sugeriu, em sua tese de doutorado, que os indivíduos que não são detectados podem ter características diferentes daqueles que são, tais como especialidade, ter mais coagentes e praticar crimes por áreas geográficas maiores.

Das pesquisas criminológicas já produzidas, Pia Struyf et al.<sup>473</sup>, recentemente, selecionaram um grupo de oito pesquisas por meio de uma revisão sistemática de literatura.<sup>474</sup> Os estudos utilizaram bancos de perfis genéticos do Reino Unido, da Bélgica e da Holanda, isolados ou conjuntamente com banco de dados policiais para estudar o comportamento

<sup>469</sup> DE MOOR, *op. cit.*, p. 6-7; 130.

<sup>470</sup> Tradução livre de: *A database that includes the people who are most likely to reoffend might help to deter these criminals and, if not, help to catch them if they do reoffend. This would require the NDNAD to reflect a better understanding of the crime patterns of offenders and their likelihood of reoffending.* Cf. STALEY, Kristina. **The Police National DNA Database: Balancing Crime Detection, Human Rights and Privacy**. 2005. Disponível em: <<http://www.genewatch.org/uploads/f03c6d66a9b354535738483c1c3d49e4/NationalDNADatabase.pdf>>. Acesso em: 1 nov. 2020. p. 38.

<sup>471</sup> STRUYF, *op. cit.*, p. 377-378.

<sup>472</sup> DE MOOR, *op. cit.*, p. I-II.

<sup>473</sup> STRUYF, *op. cit.*, p. 377-378.

<sup>474</sup> Uma das pesquisas, produzidas por Townsley et al., será abordada no próximo subtópico 5.1 sobre estudos de políticas de retenção de DNA.

espacial,<sup>475</sup> avaliar redes de crimes<sup>476</sup> e estudar carreiras criminais.<sup>477</sup> Em geral, os pesquisadores identificam a possibilidade de avaliar o tempo de mobilidade dos indivíduos para cometer crimes; as probabilidades de prisões em termos de quantidade de crimes e dispersão geográfica; a possibilidade de os bancos de perfis genéticos serem representativos dos registros criminais; e a identificação de redes maiores de crimes, como quantidade de pessoas, natureza e locais dos crimes.

Como toda a fonte de dados, os bancos de perfis genéticos têm suas limitações no uso de pesquisas criminológicas. Assim como os bancos de dados policiais, os bancos de perfis genéticos incluem apenas crimes registrados, mas não comportam a cifra oculta. Outra questão é a seletividade da fonte, uma vez que apenas uma mínima proporção de todos os crimes registrados é armazenada nos bancos de perfis genéticos. Isso ocorre por motivos que já vimos: nem em todas as cenas de crimes se buscam materiais biológicos e, daquelas que se coletam, nem todas fornecem perfis genéticos adequados, em razão das limitações biotecnológicas. Consequentemente, a representatividade das amostras será seletiva, sobretudo se a pesquisa envolve perfis de referência. Soma-se à confiabilidade dos *matches*, isto é, em saber se o perfil realmente se refere ao autor do crime.<sup>478</sup>

<sup>475</sup> Paul Wiles e Andrew Costello estudaram a mobilidade de indivíduos para cometer crimes, cujos resultados indicaram que a maioria das viagens são relativamente curtas. Cf. WILES, Paul; COSTELLO, Andrew. The 'road to nowhere': the evidence for travelling criminals. Home Office Research Study. v. 207. p. 1-2. 2000. Disponível em: <[https://popcenter.asu.edu/sites/default/files/tools/offender\\_interviews/PDFs/WilesCostello.pdf](https://popcenter.asu.edu/sites/default/files/tools/offender_interviews/PDFs/WilesCostello.pdf)>. Acesso em: 2 nov. 2020.; Sabine DeMoor comparou a distribuição espacial de crimes não resolvidos, cujos resultados sugeriram que os bancos de perfis genéticos são representativos dos crimes registrados pela polícia, mas pode limitar as possibilidades de pesquisas criminológicas. Cf. DE MOOR, *op. cit.*, p. 58-74.

<sup>476</sup> Posteriormente, Sabine DeMoor avaliou redes criminosas. Os dados indicaram que utilizar bancos de perfis genéticos e bancos de dados policiais revelam redes de crimes maiores e estruturalmente diferentes, assim como mais co-infratores podem ser detectados. Cf. DE MOOR, *op. cit.*, p. 79-93.; 94-114.; Patrick P. J. M. H. Jeuniaux, utilizando o banco de perfis genéticos da Bélgica para avaliar redes de crimes, localizou a existência de 445 redes, contendo 1.697 pessoas (69% identificadas), as quais na maioria apresentaram certa diversidade de crimes e locais. Cf. JEUNIAUX, *op. cit.*, p. 584-602.

<sup>477</sup> Marre Lammers et al. utilizaram o banco de perfis genéticos holandês para avaliar a probabilidade de prisão e os resultados indicaram que, à medida que um indivíduo comete mais crimes e crimes diversos, a probabilidade de prisão aumenta. Cf. LAMMERS, Marre; BERNASCO, Wim; ELFFERS, Henk. How long do offenders escape arrest? Using DNA traces to analyse when serial offenders are caught. **Journal of Investigative Psychology and Offender Profiling**, v. 9. p. 13-29. 2012. p. 13.; Posteriormente, Marre Lammers et al., estudaram a dispersão geográfica de autores de crimes em série, cujos resultados indicaram que a probabilidade de prisão diminui com o aumento da dispersão geográfica, medida entre regiões policiais. Cf. LAMMERS, Marre; BERNASCO, Wim. Are mobile offenders less likely to be caught? The influence of the geographical dispersion of serial offenders' crime locations on their probability of arrest. **European Journal of Criminology**, v. 10. p. 168-186, 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/1477370812464533>>. Acesso em: 4 nov. 2020.; Marre Lammers comparou padrões espaciais de crimes de indivíduos presos e não presos, que cometeram, pelo menos, dois crimes violentos, sexuais ou de alto volume. Os resultados sugeriram que os dados sobre prisão são menos seletivos do que se suspeitava. Cf. LAMMERS, Marre. Are arrested and non-arrested serial offenders different? A test of spatial offending patterns using DNA found at crime scenes. **Journal of Research in Crime and Delinquency**, v. 51. p. 143-167. 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/0022427813504097>>. Acesso em: 4 nov. 2020.

<sup>478</sup> DE MOOR, *op. cit.*, p. I-II; 127-128.; LAMMERS; BERNASCO; ELFFERS, *op. cit.*, p. 25-27.

Apesar de essas pesquisas terem sido conduzidas em países europeus, essas limitações não dependem muito do país e das operações policiais, já que os bancos de perfis genéticos se limitam pelo tipo de crime. Por outro lado, as políticas locais de inclusão e retenção do perfil genético também são um fator limitante e faz diferença entre o tamanho (quantidade de perfis) das bases de dados. De acordo com Sabine DeMoor,<sup>479</sup> o valor dos bancos de perfis genéticos para pesquisas criminológicas está em combiná-los com bancos de dados de registros policiais, uma vez que os bancos de perfis genéticos geralmente não fornecem outras informações sobre os perfis de referência, como idade, referência etnia/racial, entre outras informações.

A técnica operacional, baseada em inteligência forense, vinculando ciência forense e inteligência forense, tem sido desenvolvida no Brasil. O rastreamento de *matches*, que antes era feito via planilhas, agora é realizado de forma inteligente com a integração de dados de *matches* do BNPG com a InteliGEO, um sistema de geolocalização desenvolvido pela Polícia Federal em 2010. O *software* permite localizar diversos tipos de informações forenses, como cenas de crimes, rotas criminais e correlações entre locais sob investigação. Com um trabalho em conjunto, os *matches* de todos os laboratórios de DNA foram geolocalizados, sendo necessário o registro das coordenadas geográficas dos locais que deram origem às amostras relacionadas aos *matches*.<sup>480</sup>

Para automatizar a geolocalização das amostras forenses e seus relacionamentos, uma ferramenta chamada *Integrated DNA System* (SinDNA) foi desenvolvida em 2019, fruto de uma parceria da DITEC/PF com o MJSP.<sup>481</sup> De acordo com Ronaldo Silva Jr. et al., até onde se sabe, essa abordagem não foi utilizada em outro país. O sistema permite que os dados das amostras forenses sejam registrados e geolocalizados, de modo que, quando ocorrer um *match*, as cenas de crimes ou perfis forenses e indivíduos possam ser geograficamente vinculados de forma automática, o que pode ser visualizado no anexo F. Os dados plotados para o InteliGEO são as informações geográficas e das cenas de crimes/indivíduos, mantendo os perfis genéticos exclusivamente no CODIS.<sup>482</sup>

Como se pode notar, os bancos de perfis genéticos fornecem mais do que apenas detectar crimes individuais, uma vez que fornece uma fonte de dados que pode ser utilizada para estratégias operacionais (vinculando ciência e inteligência forense), bem como para estudos

<sup>479</sup> DE MOOR, *op. cit.*, p. 131.

<sup>480</sup> DA SILVA JUNIOR, Ronaldo Carneiro et al. Geolocation of the Brazilian National DNA Database matches as a tool for improving public safety and the promotion of justice. **FSI: Genetics Supplement Series**. v. 7. p. 549-551. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2019.10.086>>. Acesso em: 8 nov. 2020. p. 549-550.

<sup>481</sup> BRASIL. RIBPG. **XIII Relatório**. Brasília. Disponível em: <<https://www.justica.gov.br/sua-seguranca/seguranca-publica/ribpg/relatorio>>. Acesso em: 06 dez. 2020.

<sup>482</sup> DA SILVA JUNIOR, *op. cit.*, p. 549-550.



criminológicos. A legislação brasileira não permite a utilização dos bancos de perfis genéticos, a não ser para fins de identificação criminal (art. 5<sup>a</sup>-A, § 2º), ou seja, não permite pesquisas criminológicas. Todavia, para fins de estratégia operacional, a prática não é proibida. Pelo contrário, é incentivada, na medida em que o BNPG deve armazenar dados para subsidiar ações destinadas à apuração de crimes. E, como vimos, a depender da finalidade, a diferença entre ambas as práticas pode não ser tão evidente.

Essa possibilidade operacional dos bancos de perfis genéticos baseados em inteligência poderia servir ao propósito de trazer mais técnica e fornecer uma ferramenta apta às investigações criminais para a apuração de crimes. A ênfase das políticas de coleta de DNA para fins de obtenção de perfis de referência (suspeitos/condenados), o que talvez possa explicar, em parte, os baixos resultados apresentados nos estudos encontrados, ignora outros fatores importantes, como o aprimoramento da coleta e processamento de vestígios e sua utilidade de forma mais proativa do que reativa.

Em contrapartida, não se desconhece que o diferencial da utilidade dos bancos de perfis genéticos para fins de inteligência operacional ou mesmo das demais abordagens (tradicional, pesquisa familiar e arrastos de DNA) é justamente o uso de perfis de referência, de preferência combinado com o uso de registros policiais, como sustentou Sabine DeMoor. Todavia, o que não se pode também ignorar é o fato de que o foco cada vez maior no aumento de perfis de referência, combinado com as diferentes estratégias de investigação, acaba recriando uma população específica de suspeitos, fazendo com que os impactos do policiamento genético recaiam exclusivamente sobre essa população.

## 5. IMPACTOS DO POLICIAMENTO GENÉTICO

---

A aparente neutralidade da tecnologia de DNA lança alguma luz sobre as disparidades existentes no sistema de justiça criminal, preparando um caminho para um sistema mais justo e equitativo.<sup>483</sup> Afinal, a perícia é vista como a “testemunha silenciosa”, que não mente<sup>484</sup> e se tem argumentado que ferramentas como os bancos de perfis genéticos têm o potencial de reduzir preconceitos, principalmente étnico/raciais, exonerando inocentes e identificando objetivamente os infratores reincidentes.<sup>485</sup> Contudo, essa neutralidade pode depender (ou não) das políticas de obtenção de um perfil genético, isto é, da composição dos bancos de perfis genéticos e de quais estratégias são empregadas para cumprir os propósitos dessa tecnologia.

A questão que então se coloca é se seria suficiente uma ferramenta de investigação aparentemente neutra que opera dentro de um sistema de justiça criminal que, segundo estatísticas ou do ponto de vista da criminologia crítica, é estruturalmente seletivo, principalmente no que se refere à sobre-representação de grupos minoritários.<sup>486</sup> Dessa forma, os impactos do policiamento genético serão explorados neste capítulo em termos quantitativo (composição) e qualitativo (formas de investigação).

### 5.1 A Criação Seletiva de Suspeitos

Para decidir quais perfis de referência devem ser armazenados, os propósitos dos bancos de perfis genéticos devem ser considerados. Pode-se afirmar que os principais objetivos dos bancos de perfis genéticos são detectar crimes e dissuadir indivíduos,<sup>487</sup> uma vez que os estudos indicaram menos correlação com o efeito incapacitante e o papel exonerante. Portanto, o objetivo é identificar o próximo (ou antigo) passo de uma conduta criminoso ou supostamente impedi-la e poder relacionar crimes aparentemente sem conexão. Portanto, a combinação entre genética e reincidência criminal é a base política social da coleta de DNA. Desse modo, parte-

---

<sup>483</sup> KRIMSKY; SIMONCELLI, *op. cit.*, cap. 15.

<sup>484</sup> COLE, Simon A.; LYNCH, Michael. The social and legal construction of suspects. *Annu. Rev. Law Soc. Sci.* v. 2. p. 39-60. 2006. Disponível em: <<https://doi.org/10.1146/annurev.lawsocsci.2.081805.110001>>. Acesso em: 20 mar. 2021. p. 41.

<sup>485</sup> DOLEAC, *op. cit.*, p. 169.

<sup>486</sup> Minorias será aqui empregada em sentido amplo, conforme o conceito do sociólogo Luís de Gonzaga Mendes Chaves: “um grupo de pessoas que de algum modo e em algum setor das relações sociais se encontra numa situação de dependência ou desvantagem em relação a um outro grupo, ‘maioritário’, ambos integrando uma sociedade mais ampla. As minorias recebem quase sempre um tratamento discriminatório por parte da maioria.” Cf. CHAVES, *op. cit.*, p. 149.

<sup>487</sup> DE MOOR, *op. cit.*, p. 130.

se da premissa de que *alguns poucos cometem muitos crimes*, então as coleções de perfis genéticos devem ser focadas nesses grupos de problemas, isto é, os portadores de risco.

Nesse sentido, na ausência de um base contendo toda a população, acredita-se que “o foco nas pessoas que cometeram crimes é extremamente vantajoso, como demonstra a experiência internacional”.<sup>488</sup> Nota-se que esse foco, em verdade, é remetido às pessoas que são criminalizadas pelo sistema de justiça criminal, não necessariamente as pessoas que cometem crimes, uma vez que desconsidera todo o debate sobre a cifra oculta da criminalidade.<sup>489</sup> Sendo assim, todos os que passam pelo sistema de justiça criminal tornam-se, de imediato, os potenciais suspeitos, devido ao fato de que a maior parte da população nunca será criminalizada.

Como dito anteriormente, quando surgiram os primeiros bancos de perfis genéticos no final da década de 1980, as políticas de obtenção do perfil genético se concentravam nos indivíduos condenados por homicídio e crimes sexuais, basicamente por duas razões:<sup>490</sup> estatisticamente, baseava-se no senso comum de que essas pessoas possuem alta taxa de reincidência em crimes da mesma natureza, logo partia-se da probabilidade de cometimento de crimes futuros que deixam vestígios biológicos por categoria de condenação atual;<sup>491</sup> e estrategicamente, a seleção de um grupo com uma imagem pública negativa provocaria menos objeções. Como previsto, a conduta antissocial desse grupo de indivíduos justificou – e ainda justifica – essa obrigação.<sup>492</sup>

Esse critério (gravidade do crime) logo se mostrou restritivo. Uma vez implementadas, as políticas de coleta de DNA se expandiram em vários países para cobrir uma variedade de crimes. Ao mesmo tempo, alguns estudos sobre reincidência,<sup>493</sup> carreiras criminais e de curva-

<sup>488</sup> JACQUES, *op. cit.*, p. 4-5.

<sup>489</sup> BARATTA, Alessandro. **Criminologia crítica e crítica do direito penal: introdução à sociologia do direito penal**. 6 ed. Rio de Janeiro: Revan, 2002. p. 102-103.

<sup>490</sup> NATIONAL INSTITUTE OF JUSTICE (NIJ) et al. *op. cit.*, p. 4. Até então, buscas por amostras biológicas em cenas de roubo, por exemplo, eram atípicas, com exceções em roubos de alto valor, casos com vítimas envolvendo celebridades ou casos considerados parte de uma longa série de crimes. Do contrário, a investigação terminaria até novas pistas surgirem. Cf. ROMAN, *op. cit.*, p. 345-369.

<sup>491</sup> FREDERICK, Bruce. et al. Expanding the Offender Index of the New York State DNA Data Bank. **Division of Criminal Justice Services**. Albany, Nova York. January, 2002. Disponível em: <<https://projects.nfstc.org/fse/pdfs/expand.pdf>>. Acesso em: 16 jan. 2021. p. 1; DOLEAC, *op. cit.*, p. 197.

<sup>492</sup> ROBERTS, Dorothy. Collateral Consequences, Genetic Surveillance and the New Biopolitics of Race. **Howard LJ.** v. 54. p. 567-586. 2010. p. 576.; WILLIAMS; JOHNSON, *op. cit.*, p. 547-552.; WALSH; CURRAN; BUCKLETON, *op. cit.*, p. 1181.

<sup>493</sup> FREDERICK, *loc cit.*; TOWNSLEY, Michael; SMITH, Chloe; PEASE, Ken. First Impressions Count: Serious detections arising from Criminal Justice Samples. **Genomics, Society and Policy**. v. 2. p. 28-40. 2006. Disponível em: <<http://hdl.handle.net/10072/25172>>. Acesso em: 16 jan. 2021.; HOUSE, John et al. Improving the effectiveness of the national DNA data bank: a consideration of the criminal antecedents of predatory sexual offenders. **Canadian Journal of Criminology and Criminal Justice**. v. 48. p. 61-75. 2006. Disponível em: <DOI: 10.1353 / ccj.2006.0007>. Acesso em: 29 jan 2021.; DOLEAC, *op. cit.*, p. 197.

idade-crime<sup>494</sup> começaram a surgir, a fim de avaliar as políticas de obtenção de perfil genético.<sup>495</sup> Sucintamente, tais pesquisas sustentam que a utilidade dos bancos de perfis genéticos está relacionada aos indicativos de alto grau de versatilidade, em termos de natureza e gravidade nos crimes praticados, para a maioria dos “infratores adultos regulares”, como sugerem pesquisas sobre carreiras criminais. Mas o tempo de retenção do perfil genético acabará sendo limitado pela rotatividade da “população infratora ativa”, isto é, o período pelo qual as pessoas iniciam e terminam sua carreira no crime.<sup>496</sup>

Nesse sentido, em razão do caráter versátil das *carreiras criminais*, boa parte dos perfis genéticos utilizados para detectar indivíduos que praticam crimes violentos e sexuais virá de coletas obtidas após a prática de outros tipos de crimes menores, inclusive por contravenções penais.<sup>497</sup> Além disso, expandir o índice de referência também significa um aumento da perspectiva de intervenção judicial precoce, em razão da baixa idade (adolescência) também ser um indicador de maior número de crimes residuais (crimes cometidos até o fim da “carreira”).<sup>498</sup> Como resultado, mais crimes seriam solucionados e a prevenção de crimes pela incapacitação resultaria em um benefício indireto.<sup>499</sup>

Ambas as proposições (infratores ativos e alto grau de versatilidade) levam à dedução de que a utilidade dos bancos de perfis genéticos não aumenta, necessariamente, com o seu tamanho, como discutido na *segunda premissa* sobre métricas de sucesso. As proposições estão relacionadas à obtenção do perfil genético na primeira oportunidade de um amplo, mas ao mesmo tempo seletivo, rol de indivíduos. Nesse sentido, as pesquisas referidas não apoiam políticas baseadas no critério da natureza do crime. Esses são os principais argumentos para a

<sup>494</sup> KAZEMIAN, Lila; PEASE, Ken; FARRINGTON, David P. DNA retention policies: the potential contribution of criminal career research. *European Journal of Criminology*. v. 8. p. 48-64. 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/1477370810373731>>. Acesso em: 27 fev. 2021.

<sup>495</sup> David Kaye e Michael Smith encontraram duas teorias que justificam a coleta do perfil genético de condenados na jurisprudência norte-americana sobre a constitucionalidade dos bancos de perfis genéticos. Os autores chamaram a primeira de teoria do *confisco*, segundo a qual após uma condenação criminal os indivíduos perdem o direito da privacidade de suas informações genéticas que, de outra forma, manteriam. A segunda seria *preditiva*, em que as pessoas condenadas têm mais probabilidade de cometer crimes futuros em que materiais biológicos podem ser encontrados, apresentando maiores riscos. Cf. KAYE, David H.; SMITH, Michael E. DNA Identification Databases: Legality, Legitimacy, and the Case for Population-Wide Coverage. *Wisconsin Law Review*. p. 413-459. 2003. Disponível em: <<https://ssrn.com/abstract=2054739>>. Acesso em: 29 fev. 2021. p. 415-417.

<sup>496</sup> A carreira criminal curta é baseada, principalmente, na população de crimes de alto volume, cuja idade da esmagadora maioria é inferior a 30 anos. Cf. LEARY, Dick; PEASE, Ken. DNA and the Active Criminal Population. *Crime Prev. Community Saf.* v. 5. p. 7-12. 2003. Disponível em: <<https://doi.org/10.1057/palgrave.cpcs.8140135>>. Acesso em: 26 dez. 2020. p. 10-11.

<sup>497</sup> TOWNSLEY; SMITH; PEASE *op. cit.*, p. 28-40.

<sup>498</sup> KAZEMIAN; PEASE; FARRINGTON, *op. cit.*, p. 60.

<sup>499</sup> FREDERICK, *op. cit.*, p. 6.



é o caso *Maryland vs. King*<sup>506</sup>, da Suprema Corte dos EUA que, por maioria, decidiu pela possibilidade de obtenção do perfil genético para fins de identificação de pessoas presas (mas ainda não condenadas) por uma causa provável, ainda que sem um mandado de prisão, por ser um procedimento legítimo e razoável, comparável à impressão digital e à fotografia.

Após a decisão de *S. e Marper*, vários países reconsideraram os planos de manter perfis genéticos de suspeitos inocentes, mas ainda não é uma questão unânime entre diferentes países.<sup>507</sup> Andromachi Tseloni e Ken Pease argumentam, por exemplo, que o TEDH não levou em consideração as diferentes implicações entre reter perfil genético e material genético. E, segundo o estudo preliminar dos autores sobre carreiras criminais, uma pessoa inocente, na primeira vez, pode apresentar os mesmos níveis de criminalidade de pessoas condenadas.<sup>508</sup> É possível que esse mesmo pressuposto seja a base das legislações expansivas. Mas os critérios não cessam naqueles com “passagem policial”, como as recentes informações sobre o interesse em grupos ou comunidades específicas, a exemplo do interesse na obtenção do perfil genético de imigrantes detidos nos EUA<sup>509</sup> ou pequenas comunidades, como Tibete e Xinjiang na China.<sup>510</sup>

De um modo geral, afirma-se que há benefícios para a sociedade e mais eficácia no policiamento considerando-se um banco de perfis genéticos abrangente, ao mesmo tempo em que os governos não conseguem explicar por que a restrição a tipos específicos de pessoas, inclusive presumivelmente inocentes, entregaria esse benefício.<sup>511</sup> Logo, à medida que as políticas de obtenção do perfil genético são ampliadas sem estudos sólidos de retorno dos seus resultados, fica menos claro quais são os motivos legítimos e os critérios racionais pelos quais o Estado precisa reter essas informações.<sup>512</sup>

Em verdade, as políticas de obtenção do perfil genético estão seguindo um instinto<sup>513</sup> sobre o risco, ou seguindo o exemplo de outros países que, por sua vez, também estão seguindo o mesmo instinto. Os estudos e os dados atualmente disponíveis ou que foram apresentados às

<sup>506</sup> SUPREME COURT OF THE UNITED STATES. **Maryland v. King**. October Term, 2012. Disponível em: <[https://www.supremecourt.gov/opinions/12pdf/12-207\\_d18e.pdf](https://www.supremecourt.gov/opinions/12pdf/12-207_d18e.pdf)>. Acesso em: 17 dez. 2020.

<sup>507</sup> WALLACE, Helen. et al., *op. cit.*, p. 57-63.

<sup>508</sup> Os autores analisaram a carreira criminal de um grupo de indivíduos, cuja coleta de DNA foi efetuada em três dias em cada ano de 2004, 2005 e 2006. Cf. TSELONI; PEASE, *op. cit.*, p. 43.

<sup>509</sup> NATIONAL ARCHIVES. DNA-Sample Collection From Immigration Detainees. 2019. Disponível em: <<https://www.federalregister.gov/documents/2019/10/22/2019-22877/dna-sample-collection-from-immigration-detainees>>.

<sup>510</sup> AUSTRALIAN STRATEGIC POLICY INSTITUTE. **Genomic surveillance: Inside China's DNA dragnet**. Policy Brief, 2020.

<sup>511</sup> WILLIAMS; JOHNSON, *op. cit.*, p. 547-552.

<sup>512</sup> ROBERTS, *op. cit.*, p. 577.

<sup>513</sup> MURPHY, Erin. Forensic DNA typing. **Annual Review of Criminology**. v. 1 p. 497-515. 2018. Disponível em: <<https://doi.org/10.1146/annurev-criminol-032317-092127>>. Acesso em: 02 mar. 2021. p. 513.



autoridades públicas são incapazes de direcionar de forma adequada essas políticas. Se não há estudos empíricos para embasar algum critério racional, então o critério é, em certa medida, arbitrário e potencialmente discriminatório.<sup>514</sup> Se o critério é arbitrário, os limites sobre quem deve fornecer material genético para fins de identificação criminal não ficam claros. O resultado é a pressão exercida sobre os legisladores para que a cobertura de coleta de material genético seja cada vez mais estendida.<sup>515</sup>

Lembrando que a taxa de desempenho dos bancos de perfis genéticos depende do cadastramento das pessoas “certas”, isto é, com boas chances de gerar *matches*, não se trata mais apenas da presunção de periculosidade de autores de certos tipos penais. O policiamento genético acaba se tornando cada vez mais a criação de suspeitos por meio da busca especulativa nessa ferramenta. Em outras palavras, para que essa tecnologia atinja todo o seu potencial, não se trata mais de detecção de suspeitos, mas da criação de suspeitos a partir de uma lista cada vez mais abrangente de categorias suspeitas,<sup>516</sup> cuja inscrição é, na opinião pública, moralmente aceita.

Simon Cole e Michael Lynch discutem duas categorias convergentes de suspeitos: suspeitos de crimes e populações suspeitas. No discurso jurídico, “suspeito representa uma ameaça potencial a uma ordem tida como certa”.<sup>517</sup> Embora o suspeito de crimes seja o tipo mais familiar, há outra categoria de suspeito: “um grupo, *pool* ou população suspeita.” Em termos técnicos, essa categoria inclui qualquer pessoa que não tenha sido excluída por evidências criminais, porém são limitadas a grupos com condenações criminais passadas ou considerados prováveis de incluir possíveis infratores. Os indivíduos que constituem populações suspeitas também podem representar uma possível ameaça futura.

A população dos bancos de perfis genéticos torna-se, em verdade, um *pool* de suspeitos ou pré-suspeitos. Os arrastos de DNA empregam uma espécie de *pool* de suspeitos *ad hoc*, mas se alguém se recusa a fornecer uma amostra voluntária, os “não colaboradores” tornam-se verdadeiros suspeitos de crimes.<sup>518</sup> A pesquisa familiar desenvolve um *pool* de suspeitos quando a busca tradicional é insuficiente.<sup>519</sup> E o uso da inteligência forense oferece uma oportunidade de geolocalizar um suspeito de crime ou um *pool* de suspeitos.

---

<sup>514</sup> STALEY, *op. cit.*, p. 39.

<sup>515</sup> Conferir PL nº 882/201, do Pacote Anticrime.

<sup>516</sup> ROBERTS, *op. cit.*, p. 575.

<sup>517</sup> Tradução livre de: “suspect represents a potential threat to a taken-for-granted order.”; “group, pool, or population.” Cf. COLE; LYNCH, *op. cit.*, p. 39-40.

<sup>518</sup> *Ibidem*, p. 44-45; 55-56.

<sup>519</sup> KIM, *op. cit.*, p. 4-5.

Suspeitos de crimes pressupõem um crime ocorrido no passado, enquanto outros suspeitos são aqueles inclinados ou propensos a cometer um crime no futuro. Diferentes governos têm procurado aproveitar um poder preditivo de grandes bancos de dados informativos. Por sua vez, os bancos de perfis genéticos são, agora, vistos como fornecedores de informações tanto prospectivas quanto retrospectivas de suspeitos.<sup>520</sup> Não se usam apenas materiais biológicos para confirmar que um suspeito de crime é a fonte da amostra desconhecida. A fonte dessa amostra pode ser livremente procurada em uma população suspeita.<sup>521</sup> O processo se inverte. Se antes vestígios não identificados em diferentes cenas de crimes eram estocados aguardando um novo suspeito, com os bancos de perfis genéticos suspeitos são estocados aguardando um novo (ou velho) vestígio para ser comparado.<sup>522</sup>

Como essas novas tecnologias são incorporadas ao trabalho policial, bem como a construção de bancos de perfis genéticos direcionam as investigações criminais para populações suspeitas ou suspeitos estatísticos (aqueles sinalizados após a ocorrência de *matches*), formas de discriminação que caracterizam as práticas de justiça criminal acabam sendo reproduzidas. Consequentemente, “embora identificado de maneiras novas, o suspeito do futuro pode acabar se parecendo muito com o suspeito do passado.”<sup>523</sup>

## 5.2 A Sobre-representação de Grupos Minoritários

Lembra Cláudia Fonseca<sup>524</sup> que novas tecnologias de governo, inclusive aquelas aparentemente neutras, provocam rearranjos importantes em questões sobre direitos, cidadania e discriminação. A questão sobre a composição dos bancos de perfis genéticos surge em relação às políticas de coleta de DNA (quem deve ser indexado), mas também em relação às políticas de *como* essa identificação criminal pelo perfil genético pode ser obtida ou utilizada.<sup>525</sup> A conjunção de ambos pode impactar, de forma desigual, direitos fundamentais e colocar determinados indivíduos na condição de subcidadania. Em particular, a raça/etnia e a condição socioeconômica desempenham papéis ambíguos, mas significativos na operação e resultados dos bancos de perfis genéticos.<sup>526</sup>

<sup>520</sup> COLE; LYNCH, *op. cit.*, p. 44-45; 55-56.

<sup>521</sup> *Ibidem*, p. 39; 50; 56.

<sup>522</sup> FONSECA, *op. cit.*, p. 11.

<sup>523</sup> Tradução livre de: “Although identified in novel ways, the suspect of the future may end up looking very much like the suspect of the past.” Cf. COLE; LYNCH, *op. cit.*, p. 39; 50; 56.

<sup>524</sup> FONSECA, *op. cit.*, p. 9.

<sup>525</sup> MURPHY; TONG, *op. cit.*, p. 1856-1859.

<sup>526</sup> SKINNER, David. ‘The NDNAD has no ability in itself to be discriminatory’: Ethnicity and the governance of the UK National DNA Database. *Sociology*. v. 47. p. 976-992. 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/0038038513493539>>. Acesso em: 20 mar. 2021. p. 980.

Mas nota-se que a composição dos bancos de perfis genéticos, bem como as estratégias de potencialização da sua utilidade são reflexos das políticas que determinam como essa ferramenta pode ser mais eficaz dentre os benefícios que dele se espera (em especial, detecção e dissuasão). A política atual defende que essa ferramenta deve incluir, ao menos, todos os condenados e/ou presos/detidos para torná-la mais eficaz. Por esse motivo, torna-se necessário discutir os problemas na desigualdade da composição desses bancos, bem como os impactos das estratégias utilizadas para obtenção de resultados por intermédio dessa ferramenta que, por sua vez, vão impactar naqueles que podem estar desproporcionalmente cadastrados.

De acordo com a *Forensic DNA Education*,

a composição da base de dados é diretamente proporcional à composição dos infratores que cometem os crimes que os obrigam a constar na base de dados. Ao mesmo tempo, não há dúvida de que a composição do banco de dados é desproporcional à comunidade em geral.<sup>527</sup>

Os bancos de perfis genéticos não têm capacidade em si mesmo para serem discriminatórios, uma vez que são apenas repositórios de informações. Mas se ele for desproporcional em sua composição, será resultado das políticas de policiamento que vão determinar quais informações são obtidas para registro.<sup>528</sup>

Aqueles que se debruçam sobre o problema na composição dos bancos de perfis genéticos afirmam que, para estimar a representação nessa ferramenta, deve-se refletir as categorias do censo da população, devendo comparar dois conjuntos de dados: a composição dos bancos de perfis genéticos e as projeções baseadas em censo da atual população.<sup>529</sup> Aqui enfrentamos um primeiro obstáculo. A maioria dos bancos nacionais de perfis genéticos, incluindo o BNPG, não compila dados demográficos juntamente com os perfis genéticos, principalmente por uma questão de privacidade. A própria Lei 12.654/12 proíbe o armazenamento de informações sobre traços *somáticos* (físicos) ou comportamentais.<sup>530</sup>

Sobre essa questão de excluir informações pessoais (e abrindo um parêntese), Erin Murphy e Jun Tong<sup>531</sup> ressaltam que essa decisão evita abusos, atenua o preconceito e serve

<sup>527</sup> Tradução livre de: “the composition of the database is directly proportional to the composition of offenders who commit the crimes that require them to be in the database. At the same time there is no doubt that the composition of the database is disproportional to the community at large.” Cf. FORENSIC DNA EDUCATION FOR LAW ENFORCEMENT DECISIONMAKERS. Familial Searching. Genetic Surveillance, cont. Disponível em: <<https://projects.nfstc.org/fse/12/12-13.html>>. Acesso em: 05 fev. 2021.

<sup>528</sup> NPIA. National DNA Database (NDNAD): **Full Equality Impact Assessment**. London: National Policing Improvement Agency, 2009. p. 11.

<sup>529</sup> SKINNER, *op. cit.*, p. 981.

<sup>530</sup> Art. 5-A: § 1º As informações genéticas contidas nos bancos de dados de perfis genéticos não poderão revelar traços somáticos ou comportamentais das pessoas, exceto determinação genética de gênero, consoante as normas constitucionais e internacionais sobre direitos humanos, genoma humano e dados genéticos.

<sup>531</sup> MURPHY; TONG, *op. cit.*, p. 1904-1907.

como proteção à privacidade em consonância com a bioética, bem como [acrescentando os autores] evita o uso dessas informações para pesquisas criminológicas que podem reforçar estudos tendenciosos, se cautelas sobre representatividade não forem observadas. Analistas manifestaram preocupações com a potencialização de discriminações sociais e biológicas.<sup>532</sup> Ainda, quanto mais informações são adicionadas, abre-se mais oportunidades para as práticas alternativas de investigação.

De outro lado, ao separar os dados demográficos dos dados genéticos, limites são impostos à capacidade de avaliar as políticas de DNA, em especial seus custos (não apenas econômicos) e benefícios. Esse fato pode tornar os bancos de perfis genéticos imunes ao escrutínio. Murphy e Jun Tong ressaltam que essas informações estão reunidas de outra forma pelo Estado. Com essa falta de informação, a maioria dos pesquisadores acabam tendo que especular sobre as condições, mas cujo debate fica restrito a um campo abstrato e incerto, desafiando avaliações objetivas de seus méritos e deméritos.<sup>533</sup>

De qualquer modo, ainda que o BNPG compilasse essas informações, pode-se considerar que o índice de referência ainda está em “construção” para a identificação criminal de todos os condenados obrigados, conforme determina o art. 9-A, da LEP, com alguns estados ainda aderindo à RIBPG. Sendo assim, algumas estimativas (frisa-se, não precisas) podem ser feitas de acordo com informações sobre a população carcerária e informações sobre o censo demográfico no Brasil.

Estima-se que a população carcerária no Brasil, em 2019 (dados mais atualizados), seja de cerca de 755 mil pessoas,<sup>534</sup> levantando o título de terceira maior população carcerária do mundo. Poucos tipos penais são responsáveis pela maior parte desse encarceramento em massa (~90,2%): roubos (38%); tráfico de drogas (20%); homicídios (15%); furtos (8%); sexuais (3,6%); relacionados ao armamento (3,5%) e associação criminosa (2,1%).<sup>535</sup> No entanto, o impacto das duras políticas da justiça criminal não recai igualmente sobre todos os brasileiros, quando se observa o perfil socioeconômico das pessoas, que se mostra homogêneo.

É possível, ainda, constatar que boa parte é composta por jovens entre 18 e 29 anos,<sup>536</sup> representando cerca de 50% da população carcerária, embora homens e mulheres nessa faixa

<sup>532</sup> MACHADO, Helena; SILVA, Susana; AMORIM, António. Políticas de identidade: perfil de DNA e a identidade genético-criminal. *Análise Social*. p. 537-553, 2010. Disponível em: <<http://www.jstor.org/stable/41012816>>. Acesso em: 9 out. 2020. p. 546-547; 549.

<sup>533</sup> MURPHY, *op. cit.*, cap. 16.

<sup>534</sup> Fonte: Infopen e FBSP de 2019 e PrisonStatistics.org de 2020. Esses dados não compilam informações de pessoas monitoradas, encarceradas em delegacias e em cumprimento de regime aberto.

<sup>535</sup> Fonte Infopen. Porcentagem por tipo de incidência penal, totalizando 989.263 em Jun-Dez/2019.

<sup>536</sup> Classificação conforme o Estatuto da Juventude (Lei nº 12.852/2013).

etária representem cerca de 18,1% da população brasileira. Em comum com outras instituições prisionais, por motivos ainda em discussão, há a prevalência de homens (95,1%) em relação às mulheres (4,9%), embora representem ligeiramente o inverso na população brasileira (48,2% e 51,8%, respectivamente).<sup>537</sup>

Em relação ao grau de instrução, dados indicam que 86,5% da população carcerária não concluiu o ensino médio e, desses, 49,5% possuem apenas o ensino fundamental incompleto. Menos de 1% possuem ensino superior completo. A comparação com a população em geral fica parcialmente prejudicada, em razão de como as informações foram coletadas. Entretanto, é possível verificar que mais da metade (51,2%) das pessoas de 25 anos ou mais não concluíram o ensino médio e, desses, 32,2% possuem o ensino fundamental incompleto. Das pessoas que concluíram (48,8%), 17,4% possuem ensino superior completo.<sup>538</sup>

Por fim, no tocante à etnia/cor, as pessoas negras/pretas representam 16,8% da população carcerária, embora representem 9,4% da população brasileira, em comparação à população parda (49,8%/46,8%) e branca (32,2%/42,7%). Somadas as populações pretas e pardas como negras,<sup>539</sup> essas representam 66,6% da população carcerária, embora representem 56,2% da população em geral.<sup>540</sup> Pesquisadores do FBSP também constataram que o crescimento da população prisional do país não é proporcionalmente racial. Se em 2005 os negros representavam 58,4% e os brancos 39,8% dos presos, houve um crescimento até 2019 de 377% dos presos negros em comparação a 239% dos presos brancos. Em 2012, negros eram presos 1,5 mais vezes do que brancos. Em 2019, essa mesma taxa subiu para 2 vezes mais.<sup>541</sup>

Esses dados oficiais, que não estão isentos a críticas,<sup>542</sup> demonstram como a criminalização secundária atua de forma absolutamente seletiva.<sup>543</sup> Jovens, negros e oriundos

<sup>537</sup> Fonte: Infopen: Jul-Dez 2019 e FBSP e Pesquisa Nacional por Amostras de Domicílio (PNAD) de 2019. Aproximadamente 9,6% das pessoas encarceradas não tinham informação sobre a faixa etária; e aproximadamente 12,2% (n = 92.729) não continha informações sobre escolaridade.

<sup>538</sup> Fonte: Infopen: Jul-Dez 2019 e PNAD, 2019.

<sup>539</sup> Conforme classificação do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE).

<sup>540</sup> Fonte: Infopen, 2019 e PNAD, 2019. Aproximadamente 12% (n = 90.165) não continha informações sobre raça/etnia. O IBGE compila dados sobre cor ou raça com base na autodeclaração.

<sup>541</sup> FBSP, 2020, p. 307.; SINHORETTO, Jacqueline. **Mapa do encarceramento**: os jovens do Brasil. Secretaria Nacional da Juventude, 2015. p. 91.

<sup>542</sup> Ao contrário dos dados sobre idade e grau de instrução que são objetivos, as estatísticas sobre raça/etnia contêm sérias limitações. De um lado, há uma grande variação na prática sociocultural em como as categorias sobre raça e etnia são percebidas, registradas e vivenciadas com o tempo, de maneira que a própria genética desmente de muitas maneiras. De outro lado, há diferentes formas de obtenção das informações pelas instâncias formais de controle. A informação pode ter sido realizada por um funcionário público por meio de atribuição de uma cor, pode ter sido extraído de outros cadastros ou a informação partiu da autodeclaração do próprio indivíduo. Não há um único método, ao contrário da pesquisa do PNAD. Em razão desses fatores, as informações, inevitavelmente, não são totalmente precisas. Cf. MURPHY; TONG, *op. cit.*, p. 1870.

<sup>543</sup> BORTOLOZZI JUNIOR, Flávio. **Resistir para re-existir: criminologia (d) e resistência diante do governo necropolítico das drogas**. Belo Horizonte: Editora D'Plácido, 2019. p. 152.

das camadas mais vulneráveis da sociedade são presos, sobretudo, por crimes relacionados ao patrimônio e tráfico de drogas. Segundo os pesquisadores do FBSP, as prisões no Brasil estão se tornando, ano a ano, espaços destinados a um perfil populacional ainda mais homogêneo.”<sup>544</sup> Longe de ser um defeito, essa seletividade revela como o sistema penal não funciona em toda a sua extensão, em razão não apenas da sua própria incapacidade (seletividade quantitativa),<sup>545</sup> mas também em virtude das especificidades das infrações e as conotações sociais das pessoas que se qualificam como delinquentes (seletividade qualitativa).<sup>546</sup>

É nessa perspectiva que teóricos da reação social enfatizam que, entre a seleção abstrata da lei penal e a seleção definitiva da criminalidade, operada pelos agentes do controle social formal, “há um complexo e dinâmico processo de refração”, que vai selecionar *quais* crimes e *quem* será criminalizado.<sup>547</sup> A partir de uma visão construcionista, sociólogos sustentam que, nesse processo complexo e dinâmico, os suspeitos são constituídos por meio da interação social com agentes, as instâncias e os processos da justiça criminal. Tipologias formais e informais mesclam entre as categorias jurídicas, científicas e sociais, incluindo preconceitos. Essa construção passa por processos discricionários em cada estágio da justiça criminal.<sup>548</sup>

O que a crítica do valor das estatísticas criminais revela nas pesquisas sobre a cifra oculta da criminalidade (a criminalidade não perseguida, portanto, não oficial) é a real frequência e a distribuição do comportamento desviante penalmente perseguida em uma dada sociedade.<sup>549</sup> No caso da sociedade brasileira, o comportamento que se qualifica como penalmente desviante encontra sua dimensão na configuração subjetiva da questão racial e socioeconômica da *ralé estrutural* brasileira.<sup>550</sup> Evidentemente, para essa compreensão, é necessário muito mais do que a verificação e comparação de índices estatísticos. Envolve um complexo processo histórico da construção social do *perigoso* na nossa sociedade, cuja questão étnica/racial teve – e ainda tem – um fator preponderante.<sup>551</sup>

<sup>544</sup> FBSP, 2020, p. 307.

<sup>545</sup> HULSMAN, Louk; CELIS, Jacqueline Bernat de. **Penas perdidas, o sistema penal em questão**. (Tradução Maria Lúcia Karam). 3 ed. Belo Horizonte, São Paulo: D’Plácito, 2021. p. 81-82.

<sup>546</sup> ANDRADE, Vera Regina Pereira de. **A ilusão de segurança jurídica: do controle da violência à violência do controle penal**. 3 ed. Porto Alegre: Livraria do Advogado, 2015. p. 265.

<sup>547</sup> *Ibidem*, p. 259; 262.

<sup>548</sup> COLE; LYNCH, *op. cit.*, p. 39-40.; SINHORETTO, Jacqueline; DE AZEVEDO, Rodrigo Ghiringhelli. Relatório de pesquisa enviado ao CNPQ. **Policiamento e relações raciais: estudo comparado sobre formas contemporâneas de controle do crime**, 2020. Disponível em: <<http://www.gevac.ufscar.br/wp-content/uploads/2020/09/policiamento-ostensivo-rel-raciais-2020.pdf>>. Acesso em: 2 mar. 2021. p. 343.; COELHO, *op. cit.*, p. 153.

<sup>549</sup> BARATTA, *op. cit.*, p. 103.

<sup>550</sup> SOUZA, Jessé. **A ralé brasileira: quem é e como vive**. 3 ed. São Paulo: Contracorrente, 2020. p. 408.

<sup>551</sup> PAVARINI, Massimo; GIAMBERARDINO, André. **Curso de Penologia e Execução Penal**. Florianópolis: Tirant To Blanch, 2018. p. 117-118.



Não caberia, neste momento, aprofundar o assunto, uma vez que esse processo histórico demandaria compreender as consequências da exclusão e sequestro social promovidas pela herança colonial e vividas até os dias atuais, especialmente no período que marcou a recepção da criminologia lombrosiana como ciência no final do século XIX, coincidindo com a emergente transição do modelo escravagista ao modelo industrial, que encontrou no sistema penal e no racismo científico a solução para a vigilância de corpos negros e pobres que seriam colocados em liberdade. É possível dizer que o Brasil tem construído historicamente uma particular relação entre racismo e sistema penal que vigora até os dias atuais, embora ressignificado de diversas formas.<sup>552</sup>

Como resultado, gradativamente, estudos empíricos estão surgindo e demonstrando como desproporções ocorrem em todas as instâncias de criminalização secundária no Brasil, resultando no encarceramento em massa de um mesmo perfil de sujeitos.<sup>553</sup> Essas pesquisas têm, cada vez mais, reforçado o diagnóstico de Sérgio Adorno, ainda na década de 1990, sobre quem é o desviante em nossa sociedade: “a intimidação policial, as sanções punitivas e a maior severidade no tratamento dispensado àqueles que se encontram sob tutela e guarda nas prisões recaem preferencialmente sobre ‘os mais jovens, os mais pobres e os mais negros.’”<sup>554</sup>

Dessa forma, as políticas de coleta de DNA refletirão a seletividade da criminalização secundária nos bancos de perfis genéticos. Se os jovens, negros e pobres são desproporcionalmente criminalizados no Brasil, é razoável deduzir que também serão sobre-representados nos bancos de perfis genéticos, como já alertado por Maria Queijo e Rodrigo Roig. De acordo com o critério atual da Lei 12.654/12, quando se analisa a quantidade de incidências penais por tipo de crime,<sup>555</sup> os crimes violentos equivalem a 59% das

<sup>552</sup> Para um aprofundamento sobre o assunto, remetemos o leitor para as obras de: FLAUZINA, Ana Luiza Pinheiro. **Corpo negro caído no chão: o sistema penal e o projeto genocida do Estado brasileiro**. Dissertação (Mestrado em Direito) – Universidade de Brasília, Brasília, 2006.; BATISTA, Vera Malaguti. **O medo na cidade do Rio de Janeiro**. 2 ed. Rio de Janeiro: Revan, 2003. BORGES, Juliana. **Encarceramento em massa**. São Paulo: Jandaíra, 2020.

<sup>553</sup> Cf. SINHORETTO; DE AZEVEDO, *op. cit.*, p. 342-347.; ADORNO, Sérgio. Racismo, criminalidade violenta e justiça penal: réus brancos e negros em perspectiva comparativa. **Revista Estudos Históricos**. v. 9. p. 283-300. 1996. p. 17.; ADORNO, Sérgio. Discriminação racial e justiça criminal em São Paulo. **Novos estudos CEBRAP**. v. 43. p. 45-63. 1995. p. 48-50.; VARGAS, Joana Domingues. Indivíduos sob suspeita: a cor dos acusados de estupro no fluxo do sistema de justiça criminal. **Dados**. v. 42. n. 4. p. 729-760, 1999.; SINHORETTO, Jacqueline. **Mapa do encarceramento: os jovens do Brasil**. Secretaria Nacional da Juventude, 2015.; SINHORETTO, Jacqueline; SILVESTRE, Giane; MELO, Felipe Athayde Lins de. O encarceramento em massa em São Paulo. **Tempo social**. v. 25. p. 83-106. 2013.; DOMENICI, Thiago; BARCELOS, Iuri. Negros são mais condenados por tráfico e com menos drogas em São Paulo. São Paulo: **Pública**. v. 5. 2019.; IPEA. **A aplicação de penas e medidas alternativas**. Novembro, 2014. Disponível em: <<https://apublica.org/wp-content/uploads/2015/02/pesquisa-ipea-provisorios.pdf>>. Acesso em: 15 abr. 2021.

<sup>554</sup> ADORNO, Discriminação racial... *op. cit.*, p. 48-50.

<sup>555</sup> Incidência por tipo de prisão inclui as ações penais pelas quais as pessoas privadas de liberdade foram condenadas ou aguardam julgamento, podendo ser mais de um crime por pessoa.

incidências.<sup>556</sup> Além de estarem em desvantagem com o sistema de justiça criminal por possuírem menos recursos, não apenas terão maiores chances de serem conectados às cenas de crimes, como também estarão mais sujeitos a serem falsamente acusados por abusos e/ou erros na investigação ou na análise pericial.<sup>557</sup>

Na literatura internacional, pesquisadores têm observado que, à medida que os bancos de perfis genéticos se tornam uma decorrência direta de condenações criminais, inevitavelmente vão espelhar as disparidades, principalmente étnico/raciais, inerentes do sistema de justiça criminal. E isso ocorrerá independentemente de quais crimes são cobertos pela política de coleta do DNA. Como consequência, a potencial vigilância proporcionada por essa ferramenta acaba exacerbando as discriminações nesse sistema, gerando impactos desiguais, de maneira imprudente. Em outras palavras, quanto maior a distorção de perfis genéticos nos bancos de dados, maior a distorção em seus resultados e na criminalização de minorias.<sup>558</sup>

Estender as políticas de coleta de amostras biológicas para todas as pessoas presas/detidas, mas não condenadas, parece potencializar essa disparidade, em razão da alta discricionariedade e seletividade nas práticas de policiamento.<sup>559</sup> Pesquisadores da Universidade Federal de São Carlos (UFSCar) observaram que o modelo de policiamento ostensivo, operado segundo a lógica do gerencialismo por resultados em procurar criminosos, faz com que a abordagem pessoal seja fundada em categorias racializadas como *tipos suspeitos*, consciente ou inconscientemente. A própria alocação de recursos para enfrentamento de alguns crimes, como os patrimoniais e entorpecentes, em face de outros, inclusive violentos, direcionam as operações policiais para pessoas e espaços geográficos específicos.<sup>560</sup>

Nesse sentido, se os bancos de perfis genéticos forem também compostos por aqueles que apenas foram apenas “tocados” pelo sistema de justiça criminal, haverá uma distorção óbvia se esse sistema rotineiramente seleciona mais de um grupo do que outros.<sup>561</sup> Efetivamente, um

<sup>556</sup> Os crimes violentos compreendem: estupro, extorsão mediante sequestro, homicídio, roubo, latrocínio, lesão corporal, quadrilha ou bando, sequestro e cárcere privado e violência doméstica. Fonte: Infopen, 2019.

<sup>557</sup> TAVARES, Natália Lucero Frias; SANTORO, Antonio Eduardo Ramires. Os impactos do pacote anticrime no Banco Nacional de Perfis Genéticos. **Boletim IBCCRIM**. São Paulo. v. 28. p. 26-29, mai/2020. p. 28.

<sup>558</sup> CHOW-WHITE; DUSTER, *op. cit.*, p. 2.; GREELY, *op. cit.*, p. 259-261.; KRIMSKY; SIMONCELLI, *op. cit.*, cap. 15.; RISHER, Michael T. 3. Racial Disparities in Databanking of DNA Profiles. In: **Race and the Genetic Revolution**. Columbia University Press. p. 47-67. 2011.; ROBERTS, *op. cit.*, p. 295.; KAZEMIAN; PEASE; FARRINGTON, *op. cit.*, p. 62.

<sup>559</sup> RISHER, *op. cit.*, p. 47; 53.

<sup>560</sup> SINHORETTO; DE AZEVEDO, *op. cit.*, p. 311.; COELHO, *op. cit.*, p. 153.

<sup>561</sup> KRIMSKY; SIMONCELLI, *op. cit.*, cap. 15.; COLE, Simon A. How much justice can technology afford? The impact of DNA technology on equal criminal justice. **Science and Public Policy**. v. 34. p. 95-107. 2007. Disponível em: <<https://doi.org/10.3152/030234207X190991>>. Acesso em: 06 mar. 2021. p. 102.; DUSTER, Troy; LAZER, David. Selective arrests, an ever-expanding DNA forensic database, and the specter of an early-twenty-first-century equivalent of phrenology. **Tactical Biopolitics**. p. 159-176, 2004. p. 171. THE FORENSIC GENETICS POLICY INITIATIVE. **Establishing...op. cit.**, p. 19.

banco de perfis genéticos extraído de minorias reforçará e ampliará os próprios estereótipos da criminalidade sobretudo de negros, jovens e pobres.<sup>562</sup> Esse risco potencial é mais evidente quando cada vez mais estudos empíricos<sup>563</sup> revelam que o racismo estrutural é uma parte que integra e constitui o racismo institucional no policiamento ostensivo.

Ao contrário de muitos países, essas preocupações com a obtenção do perfil genético de suspeitos/acusados foram reduzidas – mas não eliminadas – com a determinação de exclusão do perfil genético em caso de absolvição do acusado pela Lei 13.964/19, bem como em razão da exigência de uma ordem judicial fundamentada nesses casos. Diferentemente seria se a coleta do perfil genético fosse decorrência direta de meras prisões/detenções. De acordo com João Beccon, essa parece ter sido uma preocupação inicial com o PL nº 93/11, a fim de evitar maiores conflitos éticos e jurídicos, principalmente.<sup>564</sup> Todavia, as disparidades continuarão e se acirrarão à medida que as legislações ampliam as políticas de obtenção do perfil genético da criminalidade de massa, como pretende os autores dos outros PLs em andamento.<sup>565</sup>

O problema sobre uma ampla composição de minorias em bancos de perfis genéticos vem sendo constatado e debatido em outros países. Anne Anker et al.,<sup>566</sup> no estudo sobre dissuasão e detecção de crimes, identificaram, acidentalmente, que os imigrantes estão fortemente sobrerrepresentados nos bancos de perfis genéticos da Dinamarca.<sup>567</sup> Em sua amostra, os imigrantes constituíram 21%, embora representem menos de 10% da população total. A amostra foi composta de 38.674 homens entre 18 e 30 anos, residentes na Dinamarca, que tiveram acusação pelo Código Penal ou Lei de Armas entre junho - 2003 e setembro - 2007.

O banco de perfis genéticos do Reino Unido é o único que compila seus próprios dados sobre composição étnica, faixa etária e de gênero. No relatório Bienal de 2009-11, o *Home Office* estimou que jovens negros, entre 15 e 34 anos, estavam representados entre 45% e 61% no NDNAD em 13.12.2007. Em uma comparação com o censo demográfico de 2011, brancos e negros representavam 86% e 3,3% da população em geral, respectivamente. Em 31 de março

---

<sup>562</sup> ROBERTS, *op. cit.*, p. 582-584.

<sup>563</sup> Ver nota 554.

<sup>564</sup> Informação dada durante uma palestra na Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, degravada por Vitor Simonis Richter. Cf. RICHTER, *op. cit.*, p. 118.

<sup>565</sup> RISHER, *op. cit.*, p. 57-58.; MURPHY, *op. cit.*, cap. 15.

<sup>566</sup> ANKER; DOLEAC; LANDERSØ, *op. cit.*, p. 16-17.

<sup>567</sup> Pode-se afirmar que o banco genético Dinamarquês é expansivo. A partir de 2005, a legislação permitiu a inclusão de perfis genéticos de referência de suspeitos e indivíduos condenados por crimes punidos por sentenças de mais de 1 ano e 6 meses. A remoção de perfis de condenados é feita 2 anos após a morte ou aos 80 anos de idade. De suspeitos, após 10 anos da absolvição ou, aos 70 anos, 2 anos após a morte. Cf. NICOLITT; WEHRS, *op. cit.*, p. 209.

de 2011, essa representação era de 76,7% contra 7,5%, respectivamente, no NDNAD, indicando uma sobrerrepresentação de negros e minorias étnicas.<sup>568</sup>

Erin Murphy e Jun Tong<sup>569</sup> colheram informações sobre a composição étnica/racial de sete bancos estaduais de perfis genéticos dos EUA, que forneceram os dados.<sup>570</sup> A amostra foi composta por aproximadamente 5,6 milhões de perfis de referência, correspondente a cerca de 33% do NDIS, em setembro de 2018. Em todas as jurisdições, a população branca, os negros, os hispânicos e os asiáticos constituíam 60,4%, 13,4%, 18,3%, e 5,9% da população combinada dos estados, mas representavam 42,9%, 23,6%, 23,2% e 0,75%, respectivamente, da composição dos bancos de perfis genéticos. Nos sete estados, o perfil genético de negros foi coletado de duas a três vezes a taxa de pessoas negras na população.

Estudiosos de outros países têm manifestado as mesmas preocupações, inferindo a sobrerrepresentação de minorias, como a de aborígenes nos bancos de perfis genéticos do Canadá<sup>571</sup> e de indígenas (Māori) na Nova Zelândia.<sup>572</sup> Os autores ressaltam a mesma origem do problema para essas constatações e inferências: a sobrerrepresentação de minorias em todas as fases do sistema de justiça criminal. Entretanto, o efeito desencadeado em razão das políticas de coleta de DNA (presos e/ou condenados), para ser mais preciso, necessitaria ser estimado com dados mais abrangentes, incluindo informações sobre dados demográficos básicos e tipo de crime por prisão/condenação.

Contudo, a seletividade ou expansão quantitativa dos bancos de perfis genéticos não é a única forma de impactar determinados sujeitos, mas também as mudanças qualitativas na forma de obtenção de pistas investigativas. Uma vez que minorias já estão ou podem estar sobrerrepresentadas nos bancos de perfis genéticos, a tendência é a de que o uso de redes de

<sup>568</sup> Sobre o censo da população da Inglaterra e País de Gales, ver: <<https://www.ethnicity-facts-figures.service.gov.uk/uk-population-by-ethnicity/national-and-regional-populations/population-of-england-and-wales/latest#by-ethnicity>>; GOV. UK. Home Office. National DNA Database 2009-2011. London, 2012. Disponível em: <<https://www.gov.uk/government/collections/dna-database-documents#reports>>. Acesso em: 09 fev. 2020.

<sup>569</sup> Posteriormente, os autores estimaram em âmbito nacional, por meio de informações sobre as políticas de coleta do DNA de cada estado e dos dados demográficos que correspondem a essas políticas. Essa engenharia reversa, que deve ser vista com reserva em virtude das limitações, estimou que os brancos e negros representam 62% e 13,26% da população, mas representam 49% e 34,47% da composição dos bancos de perfis genéticos. Cf. MURPHY; TONG, *op. cit.*, p. 1847-1911.

<sup>570</sup> Califórnia, Flórida, Indiana, Maine, Nevada, Dakota do Sul e Texas.

<sup>571</sup> CONROY, Amy. **E-racing the Genetic Family Tree: A Critical Race Analysis of the Impact of Familial DNA Searching on Canada's Aboriginal Peoples**. Tese de Doutorado. Université d'Ottawa/University of Ottawa, 2016. p. 27-37.

<sup>572</sup> De acordo com os autores, os Māori (o povo indígena) têm quatro vezes mais chances do que os Neozelandeses de ter o seu DNA coletado, sendo a maioria (61,9%) mais jovem. Cf. AHURIRI-DRISCOLL, Annabel; TAURI, Juan; VETH, Johanna. Māori views of forensic DNA evidence: an instrument of justice or criminalizing technology?. **New Genetics and Society**. p. 1-18. 2020. Disponível em: <<https://hdl.handle.net/10092/101712>>. Acesso em: 04 mar. 2021. p. 2.

arrastos, do uso de inteligência forense ou, ainda, possibilidades futuras de pesquisas familiares ou criminológicas, não só reflitam, mas potencializem as disparidades existentes no sistema de justiça criminal. Logo, se as prisões e condenações diferem amplamente com base na raça, etnia, localização geográfica e classe social, não só específicos sujeitos serão objetos de vigilância, como também suas famílias e suas comunidades, enquanto outras permanecerão indiferentes. Quaisquer impactos, positivos ou negativos, estendem-se do individual para o familiar/coletivo.<sup>573</sup>

Se no contexto de famílias individuais as objeções legais e políticas podem se mostrar irrelevantes, de outro lado, pode ser mais preocupante em um contexto mais amplo.<sup>574</sup> A *Forensic DNA Education*<sup>575</sup> utiliza o caso do *Grim Sleeper*<sup>576</sup> para explicar como os impactos sobre quem está nos bancos de perfis genéticos são minimizados com salvaguardas importantes. Conforme o protocolo da Califórnia,<sup>577</sup> onde foi realizada a pesquisa familiar, o processo inicial foi totalmente informatizado, sendo que o nome de suspeito só foi revelado às agências de aplicação da lei após os testes Y-STR, entre 10 candidatos finais, apontarem para ele. Até então, a única forma de identificação era o perfil genético. Nenhum membro da família foi contatado.

O que se questiona é o impacto dispar que antecede o próprio processo de pesquisa familiar. Embora o uso bem-sucedido da pesquisa familiar possa reduzir o *pool* de suspeitos, pesquisadores ressaltam que se os bancos de perfis genéticos não forem neutros em relação a determinadas minorias, ainda que as estruturas familiares fossem a mesma entre essas populações e as populações não minoritárias, o escrutínio investigativo será muito maior em relação às minorias. E, considerando os princípios da herança genética, tal disparidade será

<sup>573</sup> BIEBER; BRENNER; LAZER, *op. cit.*, p. 1316.; KRIMSKY; SIMONCELLI, *op. cit.*, cap. 15.; GREELY, *op. cit.*, p. 260.; MURPHY; TONG, *op. cit.*, p. 1899.; CONROY, *op. cit.*, p. 27-37.; SOKHANSANJ, Bahrad A. Beyond protecting genetic privacy: understanding genetic discrimination through its disparate impact on racial minorities. **Colum. J. Race & L.** v. 2. p. 279. 2012. p. 296.

<sup>574</sup> GREELY, *op. cit.*, p. 258.

<sup>575</sup> FORENSIC DNA EDUCATION FOR LAW ENFORCEMENT DECISIONMAKERS. Familial Searching. Grim Sleeper. Disponível em: <<https://projects.nfstc.org/fse/13/13-15.html>>. Acesso em: 05 fev. 2021.

<sup>576</sup> Lonnie David Franklin Jr é um dos casos mais famosos de utilização da pesquisa familiar nos EUA. “*Lonnie David Franklin Jr. é um serial killer responsável por pelo menos 11 assassinatos e uma tentativa de homicídio em Los Angeles de 1985 a 2007. Uma pausa de 14 anos em seus crimes de 1988 a 2002 lhe valeu o apelido de “the Grim Sleeper”*” A unidade de casos arquivados da LAPD reexaminou os assassinatos em 2007 como parte do programa Resolvendo Casos Arquivados com DNA do NJJ. Depois que uma busca no CODIS não encontrou resultados, a Califórnia realizou uma busca familiar em 2008, também sem sucesso. Dezoito meses depois, o laboratório estadual fez uma segunda busca familiar com várias centenas de milhares de novos perfis de criminosos no banco de dados. Uma associação foi feita ao filho de Franklin, que estava no banco de dados de DNA por uma condenação por porte de arma criminosa. Após uma investigação mais aprofundada, os detetives coletaram secretamente um pedaço de pizza descartada com o DNA de Franklin e compararam essa amostra com o DNA encontrado em várias cenas de crime. O LAPD prendeu Franklin em julho de 2010 e, em 2016, ele foi condenado por dez acusações de assassinato e sentenciado à morte.” (Tradução nossa) Cf. FIELD, Michael B. et al. Study of familial DNA searching policies and practices: Case study brief series. **ICF**. 2017. p. 15.

<sup>577</sup> Para acessar o protocolo, ver: <<https://dnaresource.com/documents/CAfamilialpolicy.pdf>>.



reproduzida e ampliada.<sup>578</sup> Consequentemente, podem ser desproporcionalmente mais sujeitos à falsa identificação familiar, em razão de erros nas suposições de frequência de alelos.<sup>579</sup>

Esses impactos maiores sobre minorias foram um dos motivos pelos quais o Estado de Maryland proibiu o uso da pesquisa familiar em seu Estado.<sup>580</sup> Ademais, não se pode deixar de olhar para avanços que essa tecnologia pode trazer. Hoje, a pesquisa familiar se concentra em parentes de primeiro grau por compartilharem uma quantidade significativa de alelos. A extensão do poder dessa técnica para identificar parentes de segundo ou terceiro grau aumentaria o número de pessoas cobertas pelo grupo, impactando ainda mais determinados grupos/comunidades,<sup>581</sup> sobretudo quando os seus pressupostos distorcidos se baseiam, justamente, na hipotética prevalência da criminalidade em certos grupos familiares.

No caso das redes de arrastos, que se baseiam em coletas “voluntárias” e regiões geograficamente focadas, é possível inferir as chances de essa técnica ser realizada no Brasil. Pessoas com recursos não cedem facilmente às intimidações policiais, sobretudo quando não há qualquer suspeita prévia. Aliás, o próprio acesso às pessoas que moram em periferias ou bairros pobres e àqueles que moram em “zonas nobres” são completamente distintas. De outra parte, o uso da inteligência forense, quando se vale também de registros policiais e perfis de referência, reproduz a seletividade da fonte. Diferentemente seria se essa estratégia se valesse unicamente de perfis forenses, que também podem levar indiretamente à identificação de uma autoria delitiva, o que, nesse caso, dificilmente reforçaria aspectos discriminatórios.

São práticas que podem sugerir que esses impactos apenas refletem o equilíbrio racial, socioeconômico e geográfico das pessoas que cometem crimes, em vez de problemas na outra parte do sistema de justiça criminal. É nesse sentido que a ênfase na inocência de pessoas condenadas injustamente, muito embora essa utilização seja infinitamente rara,<sup>582</sup> pode desviar a atenção da punição diferencial de culpados com base na raça e no perfil socioeconômico. Os bancos de perfis genéticos não podem resolver os problemas subjacentes que levam pessoas

---

<sup>578</sup> Henry T. Greely et al. fizeram estimativas gerais para chegarem à conclusão de que afro-americanos serão mais impactados que a população branca em caso de pesquisas familiares. Cf. GREELY, *op. cit.*, p. 260.; KIM, *op. cit.*, p. 6-7.; MURPHY; TONG, *op. cit.*, p. 1899.; CONROY, *op. cit.*, p. 102-104.; ROBERTS, *op. cit.*, p. 584. Os pesquisadores normalmente não divergem nessa questão, inclusive os que apoiam o uso de diferentes estratégias com os bancos de perfis genéticos.

<sup>579</sup> ROHLFS, Rori V.; FULLERTON, Stephanie M.; WEIR, Bruce S. Familial Identification: Population Structure and Relationship Distinguishability. **PLoS Genet.** v. 8. p. 1-13. 2012. Disponível: <<https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1002469>>. Acesso em: 28 fev. 2021. p. 2.

<sup>580</sup> KIM, *op. cit.*, p. 6.

<sup>581</sup> GREELY, *op. cit.*, p. 252.

<sup>582</sup> COLE, *op. cit.*, p. 100.



inocentes a serem condenadas. Muitas acusações e condenações equivocadas podem ser evitadas reformando o sistema de justiça criminal e eliminando esses preconceitos.<sup>583</sup>

Alguns autores argumentaram que, se as políticas de obtenção e retenção do perfil genético fossem mais restritivas às categoria de crimes violentos, como homicídio e crimes sexuais, como no início da criação dos bancos de perfis genéticos, seria mais difícil refletir as tensões discriminatórias do sistema de justiça criminal.<sup>584</sup> Além disso, seria uma abordagem proporcional ao tipo de crime.<sup>585</sup> Embora a premissa possa ser verdadeira, não eliminaria a estigmatização de certos grupos de indivíduos, em razão de uma presunção arbitrária e exclusiva de periculosidade, como se manifestam as críticas sobre a seletividade do critério atual da legislação brasileira.<sup>586</sup>

Em suma, a sobre-representação de grupos sociais e economicamente discriminados – oriundas de classes baixas, minorias étnicas, imigrantes – pode se tornar uma constante nos bancos de perfis genéticos, principalmente nos sistemas de justiça criminais altamente discriminatórios com a expansão dessa tecnologia. Em vista desse cenário,

o uso da tecnologia de DNA em investigações policiais aparece como mecanismo não para combater, mas sim para exacerbar o caráter discriminatório já inscrito no sistema penal, permitindo a vigilância acirrada de certos tipos mais do que de outros.<sup>587</sup>

Esses impactos desiguais demonstram que, embora os bancos de perfis genéticos em si mesmos não sejam um problema, na prática, raramente podem ser considerados neutros.<sup>588</sup> Enquanto o campo de atuação dos bancos de perfis genéticos não for nivelado, essa ferramenta não só mantém, mas agrava uma estigmatização já estabelecida. Seria possível alcançar um nivelamento? Um banco de perfis genéticos universal (nacional) foi proposto por alguns pesquisadores sobre o tema como uma alternativa para os problemas da seletividade das atuais políticas de coleta de obtenção do perfil genético.

### 5.3 É Possível um Banco Genético mais inclusivo?

Um banco de perfis genéticos de toda a população é proposto por alguns autores, como uma solução<sup>589</sup> ou a única solução para o problema das disparidades existentes em bancos de

<sup>583</sup> ROBERTS, *op. cit.*, p. 575-576.; 584.

<sup>584</sup> RISHER, *op. cit.*, p. 48-62.; MURPHY, *op. cit.*, cap. 15.

<sup>585</sup> STALEY, *op. cit.*, p. 39.

<sup>586</sup> TAVARES; GARRIDO; SANTORO, *op. cit.*, p. 217-218.; PITOMBO, *op. cit.*, p. 10.; RIZZO, *op. cit.*, p. 22.; LOPES JR. *op. cit.*, p. 484.; ROIG, *op. cit.*, p. 158-159.; GIAMBERARDINO, *op. cit.*, p. 45.

<sup>587</sup> FONSECA, *op. cit.*, p. 9.

<sup>588</sup> CHOW-WHITE; DUSTER, *op. cit.*, p. 3.

<sup>589</sup> TAVARES; GARRIDO; SANTORO, *op. cit.*, p. 217-218.; DE SANTANA, Célia Maria Marques; ABDALLA-FILHO, Elias. Banco Nacional de Perfis Genéticos Criminal: uma discussão bioética. **Revista Brasileira de Bioética**. v. 8. p. 1-4. 2012. p. 43.

perfis genéticos.<sup>590</sup> Manter um banco de perfis de referência restrito a presos e/ou condenados agrava qualquer polarização racial e social na sociedade, ao mesmo tempo em que fica muito aquém da capacidade de identificar culpados e excluir/exonerar inocentes que um banco de perfis genéticos de toda a população permitiria, além de colocar em questão a própria legitimidade da legislação. Dito de outro modo, qualquer sistema com as políticas atuais será distorcido pela raça, classe e localização geográfica, devido ao arbítrio do legislador e do policiamento, além de limitar a capacidade de eficácia dessa tecnologia, deixando de identificar novos “grupos de criminosos” que entram em cena todos os dias.

Um banco universal<sup>591</sup> não seria apenas representativo da diversidade étnica, racial, geográfica e de classe, compondo também os criminosos de colarinho branco. Para David Kaye e Michael Smith,<sup>592</sup> um banco mais inclusivo não vai resolver todas as distorções na aplicação da lei, mas seria ao menos mais justo e mais útil, aumentando a segurança pública e a equidade no sistema de justiça criminal. Uma vez contida toda a população, também não haveria necessidade de adotar estratégias como arrastos de DNA e pesquisa familiar<sup>593</sup> ou intrusões maiores por autoridades policiais, como buscas em bancos comerciais de genealogia genética. Todas essas estratégias contêm o potencial de gerar alto custo econômico e social.

Dois problemas poderiam ser resolvidos de uma só vez. Como discutido na *segunda premissa*, em tese, se toda a população estivesse cadastrada no banco de perfis genéticos, todos os vestígios biológicos encontrados no local do crime poderiam ser identificados,<sup>594</sup> se não todos os vestígios, provavelmente a esmagadora maioria. Sem dúvida, mais crimes seriam resolvidos,<sup>595</sup> e menos pessoas poderiam ser condenadas erroneamente. Assim, seria possível distribuir de forma equitativa tanto os benefícios, como os possíveis danos.<sup>596</sup>

Apesar do alto custo econômico em construir bancos de perfis genéticos contendo toda a população, à medida que a tecnologia fica mais barata, muitos países tendem a construir, senão bancos universais, bancos muito mais abrangentes do que tradicionalmente aqueles restritos a presos e/ou condenados.<sup>597</sup> É possível verificar que essa possibilidade começa a ficar

<sup>590</sup> KAYE; SMITH, *op. cit.*, p. 437-438, 452.; GREELY, *op. cit.*, p. 260.; SMITH, Michael E. Let's make the DNA identification database as inclusive as possible. **The Journal of Law, Medicine & Ethics**, v. 34. p. 385-389. 2006. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1748-720X.2006.00044.x>>. Acesso em: 8 jan. 2021. p. 398.

<sup>591</sup> Pesquisadores sobre o assunto costumam utilizar a expressão “universal” referindo-se a bancos genéticos contendo toda a população para diferenciar dos atuais bancos de perfis genéticos restritos, mas aplicados em âmbito nacional.

<sup>592</sup> KAYE; SMITH, *op. cit.*, p. 437-438; 459.

<sup>593</sup> Para Caio Cerqueira, por meio da FDP, o conjunto de suspeitos pode ser reduzido substancialmente, evitando a ocorrência de grandes redes de arrastos de DNA. Cf. CERQUEIRA, *op. cit.*, p. 59-62.; GREELY, *op. cit.*, p. 260.

<sup>594</sup> JACQUES, *op. cit.*, p. 4.

<sup>595</sup> MURPHY, *op. cit.*, cap. 15.

<sup>596</sup> DE SANTANA; ABDALLA-FILHO, *op. cit.*, p. 44.

<sup>597</sup> MOREAU, *op. cit.*, p. 37.

cada vez menos distante, como as primeiras tentativas de Kuwait<sup>598</sup> e Quênia,<sup>599</sup> embora barradas pelas respectivas Cortes Supremas. Mas talvez faça mais sentido, em razão da limitação de recursos, bem como por uma questão de eficiência, desenvolver bancos nacionais masculinos, dado que uma grande quantidade de crimes é cometida por homens – ou ao menos o controle é mais exercido pela via do direito penal sobre eles –,<sup>600</sup> como a China tem feito.<sup>601</sup>

Um banco universal ainda parece pouco provável, em razão das enormes implicações bioéticas, jurídicas,<sup>602</sup> políticas, sociais e econômicas envolvidas. Todavia, ainda que fosse viável, do ponto de vista bioético, jurídico e econômico, do ponto de vista social e da eficácia, realmente um banco universal é a chave para o fim da estigmatização e discriminação potencializada por essa ferramenta, ao mesmo tempo em que traria maior impacto nas investigações criminais? De acordo com a tendência atual, embora ainda não haja um banco

<sup>598</sup> A primeira tentativa mais próxima de implementar um banco de perfis genéticos contendo toda a população foi de Kuwait. Em 2015, o governo aprovou a Lei nº 78/2015, conhecida como Lei do DNA, exigindo o perfil genético de toda a sua população, incluindo estrangeiros e visitantes. A recusa no fornecimento de amostras de DNA estaria sujeita à pena de até um ano de prisão e multa. Porém, em 2017, o Tribunal Constitucional considerou a referida Lei inconstitucional, por violar os direitos da privacidade e da liberdade pessoal. Segundo a organização não governamental Alkamara de Direitos Humanos, as autoridades de Kuwait informaram que a Lei foi uma resposta direta ao ataque terrorista na mesquita Imam Sadiq em 26.06.2015, na qual 27 pessoas foram mortas e deixou 227 feridas. Cf. ALKAMARA. **KUWAIT: Constitutional Court Rules Against DNA Law in Move to Protect Right to Privacy**. 11.10.2017. Disponível em: <<https://www.alkarama.org/en/articles/kuwait-constitutional-court-rules-against-dna-law-move-protect-right-privacy>>. Acesso em: 1 mar. 2021.; HUMAN RIGHTS WATCH. **Kuwait: Court Strikes Down Draconian DNA Law**. 17.10.2017. Disponível em: <<https://www.hrw.org/news/2017/10/17/kuwait-court-strikes-down-draconian-dna-law>>. Acesso em: 1 mar. 2021.

<sup>599</sup> Em 2019, o Tribunal Superior do Quênia considerou inconstitucional parte da implementação do National Integrated Identity Management System (NIIMS). A Lei a respeito foi aprovada em dezembro de 2018 e tem como iniciativa criar um banco de dados nacional contendo informações sobre a identidade da população, incluindo DNA e coordenadas de GPS. Nesse ponto, o Tribunal considerou que essas informações são pessoais, sensíveis e intrusivas, demandando maior proteção. Também considerou que o governo não apresentou justificativas e evidências sobre a necessidade dessas informações e frisou que as especificidades do DNA carregam informações, não apenas do titular, mas de familiares. Cf. HUDUMA NAMBA. Disponível em: <<https://www.hudumanamba.go.ke/>>. Acesso em: 1 mar. 2021.; BBC NEWS. **Huduma Namba: Kenya court halts biometric ID over data fears**. 31.01.2020. Disponível em: <<https://www.bbc.com/news/world-africa-51324954>>. Acesso em: 1 mar. 2021.; PRIVACYINTERNATIONAL. **Kenyan Court Ruling on Huduma Namba Identity System: the Good, the Bad and the Lessons**. Disponível em: <<https://privacyinternational.org/long-read/3373/kenyan-court-ruling-huduma-namba-identity-system-good-bad-and-lessons>>. Acesso em: 01 mar. 2021.

<sup>600</sup> MURPHY, *op. cit.*, cap. 15.

<sup>601</sup> Em um recente relatório publicado pelo Australian Strategic Policy Institute (ASPI), a partir de 2017, a China tem feito um esforço massivo para coletar o DNA de todos os homens e meninos em idade escolar do país, com o objetivo de melhorar, de forma abrangente, a capacidade dos órgãos de segurança pública. O banco de perfis genéticos também cataloga os marcadores Y-STR, o que significa que pode ser associado a homens geneticamente relacionados do sexo masculino no lado paterno. Para o governo, é um método mais econômico e eficiente, o que não deixa de ser, em que pese o alto custo. Cf. AUSTRALIAN STRATEGIC POLICY INSTITUTE *op. cit.*, p. 7-11.; HUMAN RIGHTS WATCH. **China: Police DNA Database Threatens Privacy**. 15.05.2017. Disponível em: <<https://www.hrw.org/news/2017/05/15/china-police-dna-database-threatens-privacy>>. Acesso em: 1 mar. 2021.

<sup>602</sup> O debate envolve não apenas direitos fundamentais nacionais, mas também internacionais, a exemplo do artigo 17 do Pacto Internacional sobre Direitos Civis e Políticos, o qual prevê que “Ninguém será sujeito a interferências arbitrárias ou ilegais em sua vida privada, família, lar ou correspondência, nem a ataques ilícitos à sua honra e reputação. 2. Toda pessoa tem direito à proteção da lei contra tais interferências ou ataques.”

universal de toda a população, em breve poderá haver, efetivamente, bancos de perfis genéticos contendo essencialmente minorias.<sup>603</sup>

Alguns pesquisadores mais críticos permanecem pouco otimistas com essa solução e argumentam que um banco universal pouco ou nada faria para retificar o problema real do policiamento discriminatório. A discricionariedade da polícia, que pode ser demograficamente dispar, em nada seria influenciada. Explicam que se esse banco incluísse todas as pessoas conhecidas, isso não afetaria a forma como os órgãos de segurança selecionam *onde* e *como* policiar, bem como *quais* crimes perseguir ou alocar recursos. Não afeta quais casos serão denunciados<sup>604</sup> ou quais comporão os *autos de resistência*.

Em síntese, essa solução afetaria uma pequena parte do problema – a capacidade de encontrar o autor de um crime, mas não mudaria quem é considerado um, isto é, em quem é alvo de suspeita e prisão. O acesso a bancos de perfis genéticos continuaria identificando minorias se os tipos de crime, bairros e populações monitoradas forem motivados pela raça/etnia e perfil socioeconômico. Nesse caso, essas tensões poderiam, inclusive, ser exacerbadas ao aumentar a capacidade dos órgãos de segurança de atingir comunidades específicas. Um banco universal apenas deixaria a impressão de que o jogo está nivelado, pois o “que importa não é o poder de coleta compulsória do governo e seu impacto desigual, mas o poder de polícia de forma mais geral e seu impacto discriminatório.”<sup>605</sup>

Nessa acepção, o problema não é a configuração ou o conteúdo dos bancos de perfis genéticos, mas o preconceito que gera essa configuração. Se a lente do sistema de justiça criminal está focada em uma parte da população para um certo tipo de crime, a criminalidade de massa, o nível de correspondência e de pesquisas nos bancos de perfis genéticos vão se direcionar a essa criminalidade. Em outras palavras, não importaria se os bancos de perfis genéticos contêm o perfil genético de criminosos do colarinho branco, se eles não comportarem a lente seletiva do sistema penal.<sup>606</sup> Ou, como frisou o *ENFSI DNA Working Group*,<sup>607</sup> não faz sentido alocar recursos onde não gera resultados, isto é, em quem não gera *matches*.

Ao mesmo tempo em que um número maior de crimes seria detectado, a capacidade dessa ferramenta ainda se restringe àqueles que deixam vestígios biológicos, ficando muito aquém de solucionar uma ampla categoria de crimes. Hellen H. Wallace et al.<sup>608</sup> ressaltam que,

<sup>603</sup> SOKHANSANJ, *op. cit.*, p. 298.

<sup>604</sup> MURPHY, *op. cit.*, cap. 15.; MURPHY; TONG, *op. cit.*, p. 1904-1911.

<sup>605</sup> SIMONCELLI, Tania. Dangerous excursions: the case against expanding forensic DNA databases to innocent persons. *The Journal of Law, Medicine & Ethics*. v. 34. n. 2. p. 390-397, 2006.; MURPHY, *op. cit.*, cap. 15.

<sup>606</sup> DUSTER; LAZER, *op. cit.*, p. 171.

<sup>607</sup> ENFSI, *op. cit.*, p. 29-30.

<sup>608</sup> WALLACE, Helen et al., *op. cit.*, p. 58.

pelo menos no Reino Unido, o DNA é coletado em apenas 1% de todos os crimes registrados, muito em razão das próprias limitações inerentes às propriedades genéticas. E, de todos os *matches* obtidos, ainda existem as limitações que envolvem o contexto do fato criminoso. Portanto, uma amostragem universal não forneceria, necessariamente, retorno máximo.<sup>609</sup>

A condução eficiente das investigações também poderia ser ainda prejudicada.<sup>610</sup> Alguns estatísticos argumentaram que, à medida que um banco de perfis genéticos fica maior, o valor probatório aumenta em razão do aumento da exclusão de suspeitos. Outros argumentaram o oposto, sustentando a probabilidade aumentada de *matches* acidentais, em razão da redução do poder discriminatório.<sup>611</sup> O *ENFSI DNA Working Group*,<sup>612</sup> destacou que essa última possibilidade já ocorre à medida que os bancos de perfis genéticos ficam maiores, especialmente com perfis parciais, mistos e perfis de parentes cadastrados, logo aumenta-se o risco de prisões e acusações injustas.<sup>613</sup>

De outro lado, a restrição da política de coleta de DNA pode acabar justificando a necessidade de pesquisas familiares e/ou buscas “voluntárias” em redes de arrastos de DNA. Essas práticas com potencial maior de afetação a direitos fundamentais podem ser resolvidas com uma proibição legal. Mas há sempre outras maneiras. No panorama atual brasileiro, generalizações nas medidas cautelares probatórias, no caso de suspeitos,<sup>614</sup> são um risco inerente. A prática judiciária já demonstra uma certa banalização das prisões preventivas<sup>615</sup> e das medidas cautelares diversas da prisão, como medidas de expansão do controle.<sup>616</sup> Nesse sentido, a mera determinação de coletas de amostras de DNA “não invasivas” em comparação a essas medidas cautelares pode parecer, em uma análise superficial, menos danoso.

<sup>609</sup> WALSH; CURRAN; BUCKLETON, *op. cit.*, p. 1182.

<sup>610</sup> Também se aumenta o risco adicional de “incriminação” de pessoas inocentes com plantações de DNA, o que já é um problema atual, mas seria potencializado. Cf. SOKHANSANJ, *op. cit.*, p. 305.

<sup>611</sup> COLE; LYNCH, *op. cit.*, p. 51.

<sup>612</sup> ENFSI, *op. cit.*, p. 30.

<sup>613</sup> STALEY, *op. cit.*, p. 42.

<sup>614</sup> Recentemente, a Defensoria Pública do Estado de São Paulo impetrou um Habeas Corpus coletivo sustentando que todos os pacientes qualificados na impetração foram submetidos compulsoriamente à extração do material genético, de forma genérica, em audiência de custódia. O Tribunal de Justiça de São Paulo concedeu a ordem, anulando dez decisões do Juiz de primeiro grau e impondo a essa autoridade apontada como coautora de se abster de determinar a extração compulsória do material genético de futuros custodiados, uma vez que essa possibilidade só é permitida nas “hipóteses previstas em Lei e de maneira individualizada e não genérica.” Cf. TRIBUNAL DE JUSTIÇA DE SÃO PAULO. **HC 2057654-47.2019.8.26.0000**. Rel. Des. Fátima Gomes. Julgado em: 13.02.2020. Disponível em: <<https://esaj.tjsp.jus.br/cjsg/getArquivo.do?cdAcordao=13383757&cdForo=0>>. Acesso em: 20 jan. 2021.

<sup>615</sup> Os presos provisórios têm mantido uma média de 30 a 40% do total de encarcerados nos últimos 10 anos. Cf. Infopen e FBSP.

<sup>616</sup> BORGES, Clara Maria Roman; DE OLIVEIRA, João Rafael. A expansão do controle por meio das medidas cautelares pessoais diversas da prisão. **Revista da faculdade de direito UFPR**. v. 59. p. 225-247. 2014. p. 238-242.

Constata-se que, embora haja um certo consenso de que uma política de coleta de DNA concentrada em pessoas encarceradas refletirá as discriminações do sistema de justiça criminal, há menos concordância se a resposta deveria ser um banco de perfis genéticos mais ou menos inclusivo, sem reduzir os seus possíveis benefícios. Tudo aponta para o fato de que, em razão da sobre-representação de grupos minoritários no sistema atual, qualquer política que envolva a criminalidade de massa afetará, inevitavelmente e desproporcionalmente, membros de grupos minoritários.<sup>617</sup> Nesse sentido, propostas como um banco universal, embora aparentemente igualitárias, não necessariamente trarão efeitos equalizadores.<sup>618</sup>

Há, portanto, um conflito inevitável entre eficácia dos bancos de perfis genéticos e o problema da seletividade penal. A importação dessa ferramenta de investigação em uma sociedade com profundas desigualdades étnico-raciais e socioeconômicas, com contornos mais profundos no sistema criminal, acaba reproduzindo a marginalização da criminalidade, como mecanismo de controle penal dos indesejáveis.

#### 5.4 O Reforço da Marginalização da Criminalidade

A partir das discussões desenvolvidas até o momento, é possível perceber como há uma associação consequencial entre explorar todo o potencial dos bancos de perfis genéticos e fatores relacionados à raça/etnia, classe e indivíduos de *risco*,<sup>619</sup> seja na operação ou gestão dessa tecnologia. Estabelecer um equilíbrio de impactos sociais com o máximo de benefício dos instrumentos investigatórios é o principal desafio dos bancos de perfis genéticos.<sup>620</sup>

O que se pode perceber com a lógica de funcionalidade máxima dos bancos de perfis genético é que, quanto maior a quantidade de informações da “população certa” armazenada, como perfis de referência, diferentes marcadores mais informativos (a exemplo do Y-STR e mtDNA) e informações pessoais, melhor a potencialização de seus resultados. Com efeito, maior a possibilidade de gerar *matches*, mais vantajosa é a pesquisa familiar, mais eficiente serão as redes de arrastos ou coletas “voluntárias” e mais abrangentes serão as possibilidades de pesquisas criminológicas ou de inteligência operacional. Consequentemente, maior o controle do crime.

Esse controle, contudo, recairá sobre uma parcela específica da população quando se observam os crimes selecionados pela Lei nº 12.654/19, sobretudo diante de certa

<sup>617</sup> KAZEMIAN; PEASE; FARRINGTON, *op. cit.*, p. 62.

<sup>618</sup> COLE, *op. cit.*, p. 101-102; 105.

<sup>619</sup> FONSECA, *op. cit.*, p. 19.

<sup>620</sup> WALSH; CURRAN; BUCKLETON, *op. cit.*, p. 1182.



discrecionariiedade conferida à autoridade judiciária no caso da coleta de DNA de suspeitos. Mesmo pelas prováveis futuras alterações legislativas com intenções expansionistas, focadas em pessoas suspeitas/investigadas ou encarceradas, o policiamento genético vai recair sobre uma criminalidade que, como lembra Leonardo Machado,<sup>621</sup> historicamente, no Brasil, direitos e garantias fundamentais foram violados. Um tipo de criminalidade que sofre de maneira mais incisiva o poder punitivo do Estado, revelando uma característica intrínseca do direito penal, que é a seletividade.

O PL nº 3668, de 2019, por exemplo, que propõe a coleta para as pessoas condenadas à crimes equiparados a hediondo, visa, justamente, a focar nos condenados por tráfico ilícito de drogas. Nesse caso, mais perfis de referência da *população criminosa ativa* seria coletada, cuja exclusão do rol não deve ter ocorrido de maneira proposital.<sup>622</sup> Estrategicamente, a redação original da legislação brasileira (crimes com violência de natureza grave e crimes hediondos) pode ter seguido o exemplo das legislações estrangeiras, reduzindo os critérios a crimes que possuem uma imagem negativa na opinião pública, gerando menos objeções à promulgação da lei. Entretanto, o objetivo não é ficar restrito a esse rol.

É dessa forma que os estudos sobre *carreiras criminais* para orientar as políticas de obtenção de perfil genético acabam refletindo a seletividade da criminalização secundária. Olhar para os dados do sistema carcerário, antecedentes criminais, estudos sobre reincidência ou qualquer informação que reflita a composição do sistema, hoje, para a tomada de decisões sobre quem deve contribuir com uma amostra biológica apenas reproduzirá as disfunções inerentes na composição do próprio sistema.<sup>623</sup> Em se tratando de um sistema que criminaliza a pobreza e minorias étnico-raciais, a busca contínua de encontrar culpados no rol de culpados constitui nada mais do que uma “acumulação de capital genético da miséria”.<sup>624</sup>

Segundo Eugênio Pacelli,<sup>625</sup> a preocupação com o aumento da seletividade penal não pode ser a única razão para deslegitimar a medida, de modo a “conferir alvará de imunidade criminal.” Não se discorda dos propósitos legítimos dos bancos de perfis genéticos (não necessariamente eficaz), mas *a quem* não se deve conferir alvará de imunidade criminal, se se

<sup>621</sup> MACHADO, Leonardo Marcondes. Constitucionalidade da inclusão e manutenção de perfil genético de condenados por crimes violentos ou por crimes hediondos em banco de dados estatal – Tema 905. **IDP**. 20.07.2020. (informação verbal).

<sup>622</sup> GIAMBERARDINO, *op. cit.*, p. 45.

<sup>623</sup> MURPHY, *op. cit.*, cap. 15.

<sup>624</sup> SILVA, Mariana Lins de Carli Silva. Capital genético da miséria: a proposta de expansão do Banco Nacional de Perfil Genético. **IBCCrim**. Boletim. ano. 17. n. 326. p. 13-16. janeiro/2020. p. 13.

<sup>625</sup> PACELLI, *op. cit.*, p. 182.

pode concluir que é a própria imunidade, e não a criminalização, a regra de funcionamento do sistema penal?<sup>626</sup>

Além disso, propósitos legítimos não devem ser suficientes para reproduzir desigualdades, desafiando os preceitos de uma sociedade que deveria ser livre, democrática e igualitária. Os bancos de perfis genéticos têm potencial para ser instrumento de violação sistemática de direitos fundamentais, seja por meio de investigações problemáticas, seja retendo perfis genéticos indefinidamente, com legislações expansivas sobre o escopo dessa ferramenta. Melhor dizendo, é uma ferramenta que pode gerar impactos pessoais, familiares e sociais.<sup>627</sup>

De outra parte, os bancos de perfis genéticos eventualmente poderiam proporcionar contrapartidas sociais que os justificam. Sem dispor de uma tecnologia de investigação moderna, enfatiza Guilherme Jacques,<sup>628</sup> *assassinos e estupradores* continuarão soltos, enquanto continuamos lotando nossas prisões de pequenos traficantes e presos em flagrantes ou condenando inocentes, o que é um erro ainda mais grave. E dificilmente alguém seria hostil aos esforços dos instrumentos investigatórios para detectar, processar e condenar essas condutas de forma eficaz.

A par disso, alguns poucos casos de sucesso com o uso do BNPG são amplamente divulgados na mídia e nos relatórios da RIBPG. Três casos envolvendo crimes sexuais são representativos do potencial da assistência dessa tecnologia. O primeiro ilustra uma identificação, 11 anos após a ocorrência do fato. O segundo ilustra o primeiro caso da identificação de um suspeito de crimes sexuais em série, agraciado com o terceiro lugar do prêmio *DNA Hit of the Year 2019*, promovido pela GTH-GA. E o último ilustra um primeiro caso de exoneração, por meio de uma revisão criminal, com o auxílio dessa tecnologia.

**Polícia conclui inquérito e assassino de Rachel Genofre fica mais perto de júri popular.** Rachel foi morta em 2009, quando tinha 9 anos, e encontrada em uma mala na Rodoferroviária, no centro de Curitiba. Encontrado seminu e com vestígios de violência sexual, o corpo foi localizado de madrugada por um indígena que circulava pelo local, onde também estariam alguns pertences da menina. Ela teria sido raptada enquanto seguia pelo trajeto que liga o colégio onde estudava ao ponto de ônibus no qual aguardava, diariamente, o coletivo que a conduzia para casa. O crime ficou por quase 11 anos sem solução mas um trabalho de integração entre Paraná, São Paulo e Brasília permitiu a comparação genética entre o material coletado na cena do crime e o do autor. Segundo a Sesp, a análise do material genético teve 100% de compatibilidade. A amostra positiva apareceu no sistema do banco nacional de DNA.

<sup>626</sup> HULSMAN, Louk. La criminologia crítica y el concepto del delito. **Poder y control**. Barcelona. p. 119-311. jul./set. 1986. p. 127.

<sup>627</sup> SCHIOCCHET; DA CUNHA, *op. cit.*, p. 135; 147.

<sup>628</sup> JACQUES, *op. cit.*, p. 4.

Transferido para Curitiba, Santos confessou o crime e deu detalhes, em 25 de setembro.<sup>629</sup>

**Perfil genético: Investigação brasileira é reconhecida com a 3ª mais emblemática do mundo.** Entre os anos de 2012 e 2015, várias mulheres foram violentadas nos estados do Amazonas, Mato Grosso, Rondônia e Goiás. O agressor tinha o costume de agir sempre da mesma maneira e mudava constantemente de cidade. Em 2015, o criminoso foi preso em Rondônia após cometer roubos e um estupro. O material biológico dele foi coletado e seu perfil foi comparado com outros casos investigados no estado vizinho de Mato Grosso. A comparação imediatamente confirmou o envolvimento do suspeito em quatro estupros. Quando os perfis genéticos do acusado foram enviados para o Banco Nacional, novas compatibilidades foram encontradas com três perfis inseridos pelo banco de dados do estado do Amazonas. Em fevereiro de 2018, analisando amostras coletadas de duas vítimas de estupros na cidade de Goiânia, o laboratório de DNA de Goiás obteve dois perfis genéticos semelhantes. Atualmente, o estuprador em série está sendo investigado por abuso sexual de mais de 50 vítimas.<sup>630</sup>

**A história de um exame de DNA que inocentou preso por estupro no RS.** Em 14 de maio de 2008, uma jovem e a mãe são atacadas dentro de casa, no bairro São Cristóvão, em Lajeado, por criminoso armado com faca e o rosto coberto pelo capuz de um casaco. A garota é estuprada. O criminoso escapa levando objetos da residência. Duas semanas depois, policiais prendem Israel. O rapaz é reconhecido pela vítima como autor do estupro. [...] Jacson é preso e aparece na investigação como o comparsa de Israel, que teria vendido os objetos roubados. [...] Amostra de sangue coletada na cama em que o estuprador agrediu a jovem é usada em exame de DNA realizado pelo Instituto-Geral de Perícias (IGP). O resultado, em 2009, diz que Israel não é o autor do estupro. Israel é condenado em 2009 a 13 anos e nove meses de reclusão e Jacson a seis anos e oito meses de reclusão por receptação. [...] A defesa de Israel recorre, mas o Tribunal de Justiça confirmou a condenação, reduzida para 11 anos e seis meses. [...] Em 2011, em decorrência da implementação dos bancos de perfis genéticos, adotada pelo Brasil a partir da parceria firmada com o FBI (a Polícia Federal dos EUA), o Instituto-Geral de Perícias do RS, com base no cruzamento de amostras inseridas no banco, verifica que o material encontrado pertencia a Jacson. Em setembro de 2015, o Tribunal de Justiça do RS refaz o julgamento, mas mantém a condenação de Israel, por conta do reconhecimento feito pela vítima. A defesa recorre à instância superior. Na última terça-feira, a 1ª Turma do STF inocenta Israel por três votos a dois. [...].<sup>631</sup>

Não há dúvidas de que os bancos de perfis genéticos têm proporcionado auxílio em investigações criminais individuais, com os dois primeiros casos demonstrando o seu diferencial e, em alguns casos, a exoneração de inocentes, sem os quais, muito provavelmente, não tivessem sido esclarecidos. Os casos referidos são exatamente o exemplo do potencial dessa tecnologia. Os bancos de perfis genéticos também representam um avanço ao introduzir mais

<sup>629</sup> GAZETA DO POVO. **Polícia conclui inquérito e assassino de Rachel Genofre fica mais perto de júri popular.** 28.11.2019. Disponível em: <<https://www.gazetadopovo.com.br/curitiba/policia-conclui-inquerito-e-assassino-de-rachel-genofre-fica-mais-perto-de-juri-popular/>>. Acesso em: 1 mar. 2021.

<sup>630</sup> GOVERNO FEDERAL. Ministério da Justiça e Segurança Pública. **Perfil genético: Investigação brasileira é reconhecida com a 3ª mais emblemática do mundo.** 17.05.2019. Disponível em: <<https://www.justica.gov.br/news/collective-nitf-content-1558179310.12>>. Acesso em: 15 dez. 2020.

<sup>631</sup> GZH. **A história de um exame de DNA que inocentou preso por estupro no RS.** 19.12.2018. Disponível em: <<https://gauchazh.clicrbs.com.br/seguranca/noticia/2018/12/a-historia-de-um-exame-de-dna-que-inocentou-presos-por-estupro-no-rs-cjpvt9bpb0mie01rxub6d5kdh.html>>. Acesso em: 1 mar. 2021.; STF. **RHC 128.096.** Plenário. Rel. Min. Marco Aurélio. DJe nº 217, 18.12.2018. Disponível em: <<http://portal.stf.jus.br/processos/detalhe.asp?incidente=4770554>>. Acesso em: 20 dez. 2020.

um instrumento investigatório com base em uma prova técnica. Proporciona-se mais objetividade nas investigações criminais e menos dependência de elementos de provas nada confiáveis, conquanto qualquer prova científica, inclusive a genética, também carregue suas fraquezas. Mas esses propósitos legítimos não afastam a necessidade de se questionar *como*, *quando*, *por que* e *em que* condições essa tecnologia precisa ser utilizada e expandida no Brasil.

Não obstante os discursos e a representação midiática no foco em crimes que “chocam”, no qual as vítimas passam a ter um papel *funcional*, foi possível inferir, ao menos provisoriamente, que os bancos de perfis genéticos vêm demonstrando maiores resultados para a criminalidade de massa, principalmente crimes patrimoniais, como roubo e furto.<sup>632</sup> Isso se deve ao fato da sua própria lógica de funcionalidade e circunstâncias dos fatos criminais que são úteis a essa ferramenta, isto é, condutas sucessivas e praticadas por pessoas desconhecidas, que precisam estar presentes nos locais de crimes e que, de preferência, haja contato com alguém ou algum objeto, havendo uma grande especificidade e limitação do seu alcance.

Essa limitação, porém, não é apenas tecnológica, pois a tecnologia do DNA trabalha conjuntamente com estereótipos enraizados no sistema de justiça criminal, fruto da absorção dos conflitos e antagonismos – de classe, raça, gênero etc. – inerentes à nossa sociedade e reproduzidos e/ ou reforçados por essas instituições.<sup>633</sup> O próprio caso do Israel (RS), utilizado amplamente como exemplo de eficácia para reversão de condenações errôneas, não ampara totalmente o potencial dessa tecnologia para essa finalidade. Embora ele tenha sido absolvido por três votos a dois perante o STF, para o Poder Judiciário, ele continua sendo o culpado pelo crime a ele imputado, considerando todas as instâncias pelas quais o seu caso foi julgado e revisado, mostrando que, em geral, o reconhecimento da vítima teve mais peso do que a prova do DNA.

Por outro lado, quando combinada com o uso da inteligência forense, essa ferramenta parece ter grande utilidade, em especial para a investigação de crimes de interesse da PF para resolução de crimes patrimoniais, como indicado no estudo de Gustavo Chemale et al. (11) e nas pesquisas criminológicas sobre redes criminais. O assalto à empresa *Prosegur na Ciudad del Este/Paraguay*, em 2017, é um bom exemplo. O caso ficou conhecido como o “Roubo do Século” e foi vencedor do prêmio *DNA Hit of the Year 2020*. De acordo com a PF, “Esse reconhecimento internacional foi concedido ao Brasil devido ao grande número de análises

---

<sup>632</sup> WALLACE, *Prejudice...* op. cit., 2008. p. 5.

<sup>633</sup> ALMEIDA, op. cit., p. 38; 47-48.

genéticas realizadas nesse caso e à capacidade do DNA de identificar membros de organizações criminosas violentas.”<sup>634</sup>

Em sendo este o caso, é preciso se perguntar se estamos realmente aproveitando uma tecnologia para a promoção de uma “justiça genética” ou se estamos legitimando políticas criminais que vão fornecer maior suporte à criminalização de massa e de indesejáveis, agravando estigmas raciais e da pobreza. Se, eventualmente, houvesse algum interesse em focar menos na *criminalização da marginalidade* no Brasil e mais na impunidade de crimes graves contra a pessoa, seria preciso justificar a relação entre o interesse na obtenção em massa do perfil genético de jovens, negros e pobres, presos essencialmente por crimes patrimoniais e tráfico de drogas, para identificar alguns *assassinos* ou *estupradores seriais* desconhecidos.

Como se verifica, a lógica do “quanto mais melhor” das políticas expansivas das coletas de DNA de um perfil específico da população, além de não confirmada estatisticamente, não encontra amparo em suas justificativas. Mesmo assim, com o uso de retóricas generalizadas sobre casos de estupros e assassinatos, os bancos de perfis genéticos acabaram se tornando “objetos promissórios” e apoiados com base em alegações de sua promessa futura mais do que a utilidade atual.<sup>635</sup> Se os benefícios superam a punição colateral, a invasão estatal, a vigilância contínua, serão necessárias mais do que histórias anedóticas e crenças no efeito dissuasório. Por isso a importância de distinguir a utilidade dos bancos de perfis genéticos entre casos de sucessos individuais de benefícios sistemáticos,<sup>636</sup> inseridos dentro de um consenso científico.

Do ponto de vista do problema da pesquisa, a tecnologia dos bancos de perfis genéticos não se mostra problemática, pelo contrário, o problema se encontra na política criminal que dela se utiliza. Os bancos de perfis genéticos surgem como forma de auxílio no controle do crime, que, por sua vez, se desenvolve na realidade brasileira criminalizando a população marginalizada, com o crescente encarceramento das classes subalternas e das massas estigmatizadas da sociedade.<sup>637</sup> Essa seletividade é incrementada na contemporaneidade neoliberal, pautada na lógica do consumo acessível a uma pequena parcela da população que detém a maior renda. O enfraquecimento das políticas sociais (precarização das relações de

<sup>634</sup> Para mais informações sobre o caso, ver: XIII Relatório da RIBPG; POLÍCIA FEDERAL. **Polícia Federal recebe prêmio internacional por identificação dos autores de roubo milionário**. 24.06.2020. Disponível em: <<http://www.pf.gov.br/imprensa/noticias/2020/06-noticias-de-junho-de-2020/policia-federal-recebe-premio-internacional-por-identificacao-dos-autores-de-roubo-cinematografico>>. Acesso em: 10 mar. 2021.

<sup>635</sup> SKINNER, *op. cit.*, p. 978.

<sup>636</sup> LUDWIG, Anika; FRASER, Jim. Effective use of forensic science in volume crime investigations: Identifying recurring themes in the literature. **Science & Justice**. v. 54. p. 81-88, 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.scijus.2013.09.006>>. Acesso em: 10 mar. 2021. p. 86.

<sup>637</sup> BORTOLOZZI JUNIOR, *op. cit.*, p. 155.

trabalho, desemprego e redução de polícias assistenciais) se transforma em políticas penais, centradas em projetos de exclusão social e eliminação de grandes contingentes.<sup>638</sup>

Do conjunto de pressões que daí decorrem, o sistema penal se articula em dois movimentos: de um lado, o bom delinquente e consumidor em potencial, como o acusado de homicídio culposo, de lesões corporais leves, estelionato etc., devem ser poupados dos rigores da prisionização. Para esses, foram criados os Juizados Especiais Criminais (Lei nº 9.099/95) e autorizada a substituição das penas privativas de liberdade em restritivas de direito (Lei nº 9.714/1998). Em que pese essas medidas acabaram expandindo o controle, a seletividade soube quem poupar dos projetos de imunização neoliberal.<sup>639</sup>

Do outro lado, para o delinquente perigoso, o seu consumo é produto de crime e, por suas práticas de extorsão mediante sequestro, roubo, furto, tráfico de drogas etc., o argumento econômico se converte em segurança.<sup>640</sup> Para esses, os rigores da prisão temporária (Lei nº 7.960/1989), o agravamento dos crimes hediondos (Lei nº 8.072/90), a nomeação de organizações criminosas (Lei nº 9.043/95 revogada pela Lei 12.850/13), os rigores do regime disciplinar diferenciado (Lei nº 10.792/03), as leis antidrogas (Lei nº 6.368/76 e 11.343/06), entre muitas outras.

Entrementes, desde a década de 1990, o país vem presenciando um crescimento irrefreado da população carcerária para as classes perigosas. Para fins de comparação, em 1990, a taxa de aprisionamento era de 61 para cada 100 mil habitantes, aumentando para 359,40 para cada 100 mil habitantes, em 2019.<sup>641</sup> Esses dados revelam a seleção da criminalização secundária da pobreza, ao mesmo tempo em que mantém os postulados de cunho racista. O sistema então cria o alvo que intenta reprimir e reproduz assimetrias instauradas quando não questiona a operacionalização do sistema penal, perpetuando antigas marcas da discriminação. O resultado dessa criminalização é um cenário de cárcere e extermínio da população negra e pobre.<sup>642</sup>

Esses indivíduos seletivamente encarcerados ocupam um ambiente de superlotação, insalubre e, em últimas consequências, de produção da morte, em razão da ação/omissão do

<sup>638</sup> FLAUZINA, *op. cit.*, p. 84.; NASCIMENTO, André. Prefácio. In: GARLAND, David. **A Cultura do Controle: Crime e ordem social na sociedade contemporânea.** (Tradução André Nascimento). Rio de Janeiro: Revan, 2017. p. 17-27.

<sup>639</sup> BATISTA, Nilo. A violência do estado e os aparelhos policiais. In: **Discursos Sediciosos. Crime, direito e sociedade.** ano 2. 1997. 145-154.

<sup>640</sup> BATISTA, A violência...*op. cit.*, 145-154.

<sup>641</sup> Fonte: Infopen, Dez-2019. Ressalta-se que atualmente (abril/2021) há 336.090 mandados de prisão pendentes de cumprimento, conforme portal do Conselho Nacional de Justiça (CNJ – BNMP).

<sup>642</sup> FLAUZINA, *op. cit.*, p. 85.



Estado<sup>643</sup>. São locais que reafirmam, a cada ano, o lugar destinado a um mesmo perfil de sujeitos, que negam o pleno exercício dos direitos sociais pela inibição do acesso à educação formal e ao trabalho, à participação da vida política, à saúde, entre outros direitos sociais, em razão da neutralização imposta e das precárias condições assistenciais dos estabelecimentos prisionais.

Aos sobreviventes, ainda restam os obstáculos de suas biografias criminais e a manutenção do controle de seus corpos fora do cárcere,<sup>644</sup> a exemplo da suspensão do pleno exercício dos direitos políticos enquanto perdurar os efeitos da condenação criminal<sup>645</sup> e o registro dos antecedentes criminais. Impede-se, de forma imediata, o pleno exercício de seus direitos civis, cujos registros podem ser apagados por meio do chamado processo de *reabilitação criminal*, mas não sem burocracias.<sup>646</sup> Agora, soma-se mais um registro em sua história criminal, travestida de forma de identificação criminal,<sup>647</sup> pelo período de 20 (vinte) anos ou indefinidamente, a depender dos obstáculos criados, como a necessidade de um pedido formal, os quais poderão constar na ficha de antecedentes.<sup>648</sup>

Constata-se como barreiras são constantemente construídas para que esses sujeitos não possam reconstruir sua história, negando o direito ao esquecimento de seus crimes. Como lembra Juliana Borges,<sup>649</sup> são pessoas que devem ser mantidas à margem do sistema, relegadas

<sup>643</sup> Sobre essa produção direta de mortes, relembra-se o trágico episódio do massacre do Carandiru, no ano de 1992, que contabilizou 111 detentos mortos. Em janeiro de 2017, 131 detentos foram mortos em várias penitenciárias. Também é possível inferir o número de óbitos dentro do sistema carcerário decorrentes de causas naturais, criminais, acidentais, por suicídio ou outras desconhecidas. Só em 2019, foram contabilizados 2.168 óbitos. A atual situação de pandemia no país também pode ser exemplificada. Desde o início, 154 óbitos e 49.946 infecções já foram contabilizados. Fontes: Infopen, 2019 e CNJ, Covid-19. Boletim atualizado em 24 mar. 2021. Disponível em: <<https://www.cnj.jus.br/sistema-carcerario/covid-19/registros-de-contagios-obitos/>>.

<sup>644</sup> RODA, Arménio Alberto Rodrigues. O racismo prisional: crítica às políticas carcerárias no extermínio de corpos negros. **Revista Direito & Paz**. v. 2. p. 189-206. 2020. p. 201-206.

<sup>645</sup> CF. Art. 15. É vedada a cassação de direitos políticos, cuja perda ou suspensão só se dará nos casos de:

III - condenação criminal transitada em julgado, enquanto durarem seus efeitos;

Como exemplo cita-se o período de liberdade condicional ou a extinção da pena privativa de liberdade, mas na pendência do pagamento da pena de multa em que muitos, recém libertos do cárcere, não conseguem adimplir.

<sup>646</sup> Art. 93 - A reabilitação alcança quaisquer penas aplicadas em sentença definitiva, assegurando ao condenado o sigilo dos registros sobre o seu processo e condenação.

Art. 94 - A reabilitação poderá ser requerida, decorridos 2 (dois) anos do dia em que for extinta, de qualquer modo, a pena ou terminar sua execução, computando-se o período de prova da suspensão e o do livramento condicional, se não sobrevier revogação, desde que o condenado:

I - tenha tido domicílio no País no prazo acima referido;

II - tenha dado, durante esse tempo, demonstração efetiva e constante de bom comportamento público e privado;

III - tenha ressarcido o dano causado pelo crime ou demonstre a absoluta impossibilidade de o fazer, até o dia do pedido, ou exiba documento que comprove a renúncia da vítima ou novação da dívida.

Art. 748. A condenação ou condenações anteriores não serão mencionadas na folha de antecedentes do reabilitado, nem em certidão extraída dos livros do juízo, salvo quando requisitadas por juiz criminal.

<sup>647</sup> NICOLITT; WEHRS, *op. cit.*, p. 187.

<sup>648</sup> Art. 6º É vedado mencionar a identificação criminal do indiciado em atestados de antecedentes ou em informações não destinadas ao juízo criminal, antes do trânsito em julgado da sentença condenatória.

<sup>649</sup> BORGES, *op. cit.*, p. 41-45; 73.

a cidadãos de segunda classe nessas formas simbólicas de construção social e política, construídas e reproduzidas para ocasionar a morte social dos indivíduos jovens negros e pobres. Assim, é possível perceber como no espaço de controle penal, hierarquias raciais e sociais são reconstruídas e ressignificadas, tendo como foco grupos subalternizados historicamente.

A exemplo do que ocorreu com a criminalização da “vadiagem” no final do século XIX, visando a impedir o usufruto da liberdade dos espólios do escravismo, isto é, a massa excluída do novo mercado de trabalho, a contemporaneidade cria condições sofisticadas para atingir esses mesmos corpos negros e pobres<sup>650</sup> e não consumidores.<sup>651</sup> É neste quadro que Vera Malaguti, se referindo à concepção de cidadania negativa de Nilo Batista, lembra que esses setores vulneráveis da sociedade só conhecem a cidadania pelo seu avesso, na “‘trincheira auto-defensiva’ da opressão dos organismos do nosso sistema penal”.<sup>652</sup>

Como instrumento de controle, os bancos de perfis genéticos aperfeiçoam esse acesso à corporalidade negra e pobre, ao expor essa parcela da população de maneira mais incisiva o estigma do crime e mantê-los à circularidade do cárcere. A legislação atual, embora “muito restritiva” para os profissionais da área de segurança, não deixou de incluir exatamente as *classes perigosas* que não devem ser poupadas dos rigores do sistema penal, somado ao fato de os bancos de perfis genéticos poderem proporcionar uma particular utilidade nas resoluções desses crimes. Portanto, não basta reter os perfis genéticos desses *tipos suspeitos*, mas reter pelo maior tempo possível, a fim de que sejam identificados e detectados em meio a um *pool* de possíveis reincidentes, agora institucionalizados de *população criminosa ativa*. Ou seja, embora o método seja novo, o objetivo permanece o mesmo.<sup>653</sup>

É possível perceber como o uso da força pelo Estado tem reinventado as lógicas punitivas ao longo da modernidade para, em uma sociedade de tradição social-escravagista, identificar e manter de fora os corpos que não se quer ver e conviver. Daí a importância de refletir os efeitos que novas modalidades de controle, principalmente em um momento de recrudescimento do controle punitivo do Estado, têm produzido e aumentado as vulnerabilidades de jovens, negros e pobres.<sup>654</sup> Como instrumento de biovigilância, os bancos

<sup>650</sup> FLAUZINA, *op. cit.*, p. 84; BORGES, *op. cit.*, p.116.

<sup>651</sup> BATISTA, Vera Malaguti. **O medo...** *op. cit.*, p. 106.

<sup>652</sup> BATISTA, Vera Malaguti. **Difíceis ganhos fáceis: Drogas e juventude pobre no Rio de Janeiro**. 2 ed. Rio de Janeiro: Revan, 2016. p. 57-59.

<sup>653</sup> WILLIAMS, Robin; JOHNSON, Paul. Circuits of surveillance. **Surveillance & society**. v. 2. p. 1-14. 2004. Disponível em: <<https://doi.org/10.1901/jaba.2004.2-1>>. Acesso em: 10 mar. 2021. p. 2-7.

<sup>654</sup> PIRES, Thula Rafaela de Oliveira. Do ferro quente ao monitoramento eletrônico: controle, desrespeito e expropriação de corpos negros pelo Estado brasileiro. In. FLAUZINA, Ana. et al (Org.). **Discursos negros: legislação penal, política criminal e racismo**. Brasília: Brado Negro. p. 44-82, 2015.

de perfis genéticos reafirmam a posição de subalternidade desses indivíduos, naturalizando suas condições de marginais ao negligenciar suas liberdades civis.

Mas pode-se argumentar que os bancos de perfis genéticos protegem esses indivíduos afastando-os do escrutínio policial, sendo essa uma das justificativas da importância de se autorizar pesquisas familiares, por exemplo, ao reduzir o número de suspeitos. Nesse caso, é preciso pensar se existem razões suficientes para manter um banco de perfis genéticos de caráter preventivo, centralizado nas mãos exclusivas do governo para exonerar alguém indevidamente suspeito, acusado ou condenado, quando seu uso para essa finalidade parece ser exceção e não a regra.<sup>655</sup> Ainda, parece fazer pouco sentido corrigir as falhas criadas pelo Estado entregando ainda mais informações ao poder Estatal. Como destaca Dorothy Roberts,<sup>656</sup> estender a vigilância parece fazer exatamente o oposto.

Esses discursos que enfatizam a exclusão e a exoneração de inocentes talvez seja o exemplo mais claro de que os bancos de perfis genéticos cumprem um papel importante na racionalidade neoliberal, na qual a promessa de livre escrutínio é condicionada às limitações das liberdades concedidas.<sup>657</sup> Se o governo detém o monopólio dos meios pelos quais uma inocência pode ser provada, todos os sujeitos já são inerentemente suspeitos. E essas pessoas se tornam suspeitas ao serem obrigadas a se autocolocarem nesse permanente estado de suspeição e provarem, elas mesmos, que são culpadas de quaisquer crimes. São sujeitos que também deverão, sob ameaça de sanções disciplinares, renunciar sua própria autonomia corporal para fornecer ao Estado “provas pré-constituídas”<sup>658</sup> de suas culpas.

Assim, essa tecnologia acaba fornecendo mais um mecanismo legal pelos quais as probabilidades empíricas dos marginais cometerem crimes e serem penalizados sejam aumentadas, não apenas a nível nacional, mas agora internacionalmente, reforçando a *marginalização da criminalidade*.<sup>659</sup> Inversamente, reduz-se a probabilidade de que os não marginais cometam crimes ou sejam penalizados por isso, afinal, esses não geram *matches*. Ao se promover a *criminalização da marginalidade*, introduzindo uma tecnologia que expõe os

<sup>655</sup> RICE, *op. cit.*, p. 714-715.; WALLACE, **Prejudice...** *op. cit.*, p. 5.

<sup>656</sup> ROBERTS, *op. cit.*, p. 576.

<sup>657</sup> BORGES, Clara Maria Roman.; NASCIMENTO, Deise dos Santos. Sistema Penal, Normalização e Banco de dados de perfis genéticos. In: SCHIOCCHET, Taysa; GARRIDO, Rodrigo Grazinolli. (Org.). **Bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal**: práticas periciais e impactos jurídico-sociais (I). 1 ed. Rio de Janeiro: Multifoco, 2018. p. 47-68.

<sup>658</sup> MACHADO, *op. cit.*

<sup>659</sup> Empréstase aqui o conceito de Edmundo Campos Coelho sobre a marginalização da criminalidade, a qual “consiste em imputar a certas classes sociais de comportamento probabilidades teóricas elevadas de que ocorram em conjunção com o tipo marginal. E a forma pela qual as leis são formuladas e administradas introduz o elemento da profecia que se autorrealiza”. Não obstante o autor trate essencialmente da correlação entre subemprego, desemprego e pobreza, tomemos o conceito de marginalidade de forma mais ampla para nos referirmos às minorias sobrerrepresentadas no sistema carcerário brasileiro. Cf. COELHO, *op. cit.*, p. 140; 158-159.

mesmos grupos de *risco*, confirma-se a profecia da suspeição generalizada sobre uma subclasse específica, a circularidade se efetiva.<sup>660</sup>

Dessa forma, a mensagem que as políticas que envolvem os bancos de perfis genéticos passam é que, apesar das tentativas de ser neutro, o sistema não pode deixar de focar nas populações minoritárias e “problemáticas”. Portanto, não está claro se os bancos de perfis genéticos ajudarão a prender mais *assassinos* e *estupradores*, uma vez que as informações e os estudos atualmente disponíveis, bem como as causas inferidas desses crimes no Brasil em sua maioria, não condizem com a necessidade da utilização dessa tecnologia. De outra parte, essa ferramenta certamente fornece mais um mecanismo de manter a *ralé brasileira* exatamente onde ela deveria permanecer, na mira do sistema penal.

Por essas razões é que os bancos de perfis genéticos tratam-se mais de uma repressão pelas tecnologias de supervisão/vigilância de grupos historicamente considerados como fontes de *risco*,<sup>661</sup> reconfigurando antigas e novas formas de *coletivização da suspeição*, ao reforçar ideologias assentes na exclusão do *outro*.<sup>662</sup> Com articulações pelo discurso de maior eficácia às investigações criminais, perfis, grupos familiares, populações e áreas geográficas são tomadas como suspeitas pela via dos bancos de perfis genéticos, permitindo identificar, classificar, e gerir à distância àqueles que devem ser mantidos sob o rótulo de potencial suspeitos e alvos prioritários do sistema penal.

Como bem assinala Thula Pires, “em sociedades de base colonial-escravagista, apesar de atuar de maneira racialmente seletiva (notadamente na área penal), o Direito encobre tais práticas em discursos cientificistas de neutralidade e de proteção de universal dos direitos humanos”,<sup>663</sup> como é o caso do discurso de uma simples forma de identificação mais eficiente e precisa. Tais tecnologias acabam encontrando legitimação pública, não apenas pelo medo generalizado do crime e do sentimento de vitimização, mas também, nesse caso, pelo reforço à credibilidade elevada de uma tecnologia oriunda de avanços científicos e aparentemente *neutros*.<sup>664</sup> As falhas, as limitações, os desafios, os riscos de erros, os impactos sociais são minimizados ou sequer lembrados nos debates, em prol de promessa por mais segurança.

Sobre as constantes ênfases de semelhanças entre perfil genético, impressão digital e fotografia, Alec Rice<sup>665</sup> faz algumas constatações interessantes. Em primeiro lugar, o Estado

---

<sup>660</sup> COELHO, *op. cit.*, p. 159.

<sup>661</sup> WERMUTH, Maiquel Ângelo Dezordi. **Política criminal atuarial: contornos biopolíticos da exclusão penal**. Revista Direito e Práxis. v. 8. p. 2043-2073. 2017. p. 2050.

<sup>662</sup> MACHADO, Helena et al. *op. cit.*, p. 538; 542-543.

<sup>663</sup> PIRES, *op. cit.*, p. 44-82, 2015.

<sup>664</sup> MACHADO, Helena et al. *op. cit.*, p. 530; 534.

<sup>665</sup> RICE, *op. cit.*, p. 712-714.

conhece a identidade de quem encarcera, não necessitando de um perfil genético para identificá-los. Em segundo lugar, não se fala ou se apresenta dados concretos de que os métodos de fotografia e impressão digital também são eficazes no combate ao crime e diminuem a reincidência. Se são formas similares de identificação, não se pode esperar que as identificações pelo perfil genético façam o que os métodos anteriores não foram capazes.

Se, porventura, o perfil genético tem esse potencial de reduzir a criminalidade ou reincidência por um efeito dissuasor ainda não efetivamente demonstrado, soa contraditório fazer analogias com a impressão digital e a fotografia.<sup>666</sup> Justamente por não ser uma mera identificação, a retenção de perfis genéticos permite mapear os movimentos de um indivíduo e investigar suas relações biológicas, cujas extensões do controle dependerão do quanto de informação adicional é retida nos bancos de perfis genéticos<sup>667</sup> ou utilizada em conjunto com outras bases de dados.

Em síntese, respondendo ao problema da pesquisa proposto e confirmando a hipótese de pesquisa, a tecnologia dos bancos de perfis genéticos constitui uma ferramenta que acaba reforçando o controle penal de grupos já marginalizados pelo sistema de justiça criminal, desde a sua composição às diferentes práticas de investigação. A tendência contínua de ampliação quantitativa/qualitativa dessa tecnologia, com vistas à sua maior eficácia ou a uma forma mais igualitária em sua composição, apenas potencializa ou evidencia a forma de controle de uma parcela seletiva da sociedade, os *excluídos/outros*, reforçando desigualdades sociais com base, em especial, na raça.

Como a composição dessa tecnologia é refletida pelos processos discriminatórios ocorridos em todo o estágio do sistema de justiça criminal brasileiro, as consequências não advêm tanto da delimitação de determinadas categorias de crimes, embora sejam reforçadas. Com efeito, em razão da estrutura seletiva do próprio sistema de justiça criminal, somada aos indicativos sobre a eficácia dessa tecnologia estar sendo dirigida essencialmente a crimes patrimoniais em termos sistemáticos, mais do que crimes contra a pessoa e os sexuais, cometidos por estranhos, os sujeitos alvos e prioritários permanecerão os mesmos, a criminalidade de massa.

As formas alternativas de contribuição de resultados, estendendo o alcance dos bancos de perfis genéticos, como as práticas de pesquisa familiar, redes de arrastos, uso da inteligência forense, embora este último dependa de quais dados são utilizados (perfis forenses e/ou perfis de referência e uso de registros criminais), acabam potencializando e perpetuando a opressão

---

<sup>666</sup> *Loc cit.*

<sup>667</sup> WALLACE, *Prejudice... op. cit.*, p. 1-2.

de minorias, especialmente as minorias racializadas, representadas por jovens negros e pobres no sistema carcerário brasileiro. Nesse sentido, critérios que potencializam essas reproduções precisam ser refletidos sobre suas proibições, manutenção das proibições, recuos ou correções pelas vias legislativas, uma vez que mesmo as medidas de curto prazo devem ser avaliadas em uma perspectiva de longo prazo.

Como se trata das discriminações que os bancos de perfis genéticos tendem a reproduzir, uma política mais democrática, sem afetar direitos fundamentais, teria que mudar o seu foco, por exemplo, nos perfis forenses, os quais podem levar indiretamente à autoria delitiva pelas conexões entre cenas de crimes, considerando a seletividade dos perfis de referência. Os resultados podem ser potencializados com o uso estratégico da inteligência forense, em vez do foco na resolução de crimes individuais, embora mais pesquisas e dados precisem ser refletidos sobre essa função, bem como suas diferentes implicações. No entanto, é cediço que uma proposta como essa iria na contramão de todos os países que adotaram essa tecnologia, cujo fundamento de criação sempre foram os perfis de referência, além dos perfis forenses. E uma mudança como essa exigiria focar mais no *crime* do que nos *criminosos*.

É preciso, enfim, enfatizar que discutir as políticas de coleta de DNA, bem como a adoção de diferentes estratégias pela via dos bancos de perfis genéticos para atingir os propósitos declarados, sem discutir raça/etnia e outros problemas inerentes ao sistema de justiça criminal, em uma cultura marcada pela profunda desigualdade socioeconômica e pelas pressões supranacionais em virtude de interesses econômicos do mercado globalizado, não é apenas enganoso, mas, como enfatiza Ein Murphy,<sup>668</sup> também irresponsável. E, para direcionar políticas racionais e transparentes, essa discussão precisa ser abordada em conjunto pela sociedade civil, entre o público técnico, jurídico, político e acadêmico (em especial sociólogos, criminólogos e antropólogos), a respeito dos rumos do desenvolvimento tecnológico dessa ferramenta de investigação.

---

<sup>668</sup> MURPHY, *op. cit.*, cap. 15.



## CONSIDERAÇÕES FINAIS

---

A pesquisa teve por objetivo trazer uma contribuição para o debate público e acadêmico sobre os impactos da utilização dos bancos de perfis genéticos em relação às minorias sobrerrepresentadas no sistema de justiça criminal. Considerando a importância do propósito dos bancos de perfis genéticos, isto é, o auxílio às investigações criminais, a pesquisa foi desenvolvida sob uma perspectiva prática em relação à sua eficácia. Em outras palavras, buscou-se investigar as maneiras pelas quais a exploração de todo o potencial dessa tecnologia pode impactar em grupos marginalmente criminalizados. Como considerações finais, algumas proposições condensadas resumem as etapas investigadas:

1. Contínuos avanços no campo da genética forense alteram sua utilidade e finalidade nos contextos criminais. A identificação criminal pelo perfil genético, que atualmente utiliza as regiões não codificantes do DNA, diferentemente das impressões digitais, não se limita a uma identificação. Também é possível estabelecer relações de parentesco apenas com os marcadores STRs autossômicos ou combinados com o uso de marcadores de linhagem (ChrY e mtDNA). A completa ausência de informações sobre características físicas nos marcadores utilizados para fins de identificação criminal não é mais um consenso científico e pesquisas sobre o assunto estão surgindo gradualmente.
2. Os exames de DNA fornecem algumas vantagens na sua utilização em contextos criminais forenses, mas igualmente apresentam limitações e desafios, seja em termos probatórios ou biotecnológicos, não sendo mais ou menos valiosos do que qualquer outra espécie de prova criminal. Apesar disso, com a necessidade de potencializar a utilidade dos vestígios biológicos encontrados em cenas de crimes de casos sem suspeitos (*casos abertos*) para auxiliar investigações criminais, bancos de dados, contendo perfis genéticos de vestígios e de potenciais *reincidentes*, foram criados como forma de identificar autorias delitivas e conectar diferentes cenas de crimes, confrontando essas informações de forma automatizada.
3. A partir dos primeiros esforços no final da década de 1980, a tecnologia dos bancos de perfis genéticos se espalhou por vários países com a promessa de contribuir positivamente com a justiça criminal, aumentando a capacidade de *solucionar* crimes (futuros ou passados) que, de outra forma, seriam insolúveis, e de *prevenir* crimes futuros. Visando a acompanhar o mesmo desenvolvimento tecnológico, diferentes interesses entre peritos criminais, legisladores e empresas de *lobby* convergiram e cumpriram um papel importante nos processos de legitimação e implantação dessa tecnologia no Brasil. Nesses processos de legitimação, que

hoje focam na expansão dessa tecnologia, muitas vezes, esforços realizados na mídia, em eventos e palestras se valem de informações sobre estudos, dados ou estatísticas insuficientes ou inadequados, os quais precisam ser cuidadosamente analisados.

4. A legislação nº 12.654/12, que instituiu os bancos de perfis genéticos no Brasil, bem como as alterações legislativas promovidas pela Lei nº 13.964/19, aparentemente elegeu crimes considerados graves para exigir coletas compulsórias de DNA de condenados, partindo de uma presunção de reincidências de certas *classes criminosas*, o que, de certa forma, está de acordo com a lógica de funcionalidade dessa tecnologia. A expansão dos critérios de coleta de DNA para obtenção de perfis de referência são uma demanda por parte de juristas e profissionais da área de segurança, com os primeiros visando a minimizar a seletividade da legislação e os últimos visando ao aumento da eficácia dessa tecnologia. Todavia, pouco se debateu sobre os critérios, racionais ou arbitrários, que justificam a seletividade dos crimes que se qualificam como cobrança para a coleta de DNA, os quais estão intrinsicamente relacionados à eficácia dessa tecnologia frente aos seus propósitos.

5. Quando se tenta analisar o impacto da utilização dos bancos de perfis genéticos pela métrica utilizada no *software* CODIS (número de coincidências e investigações auxiliadas), verifica-se não ser um parâmetro confiável, uma vez que apenas avalia a sua utilidade potencial. Portanto, essas informações fornecem aos legisladores e analistas de políticas públicas informações inadequadas e insuficientes para julgar os efeitos em grande escala de tais investimentos. E os estudos que tentaram inferir se o tamanho (quantidade de perfis cadastrados) dos bancos de perfis genéticos está relacionado ao seu desempenho não conseguiram demonstrar uma relação segura e direta entre esses dois fatores, em especial por problemas e limitações na fonte de dados dos estudos.

6. As compilações de estudos empíricos, nacionais e estrangeiros, que buscaram inferir a eficácia dos bancos de perfis genéticos frente aos seus propósitos (detectar e relacionar crimes, dissuadir e incapacitar indivíduos e exonerar inocentes) ainda são bastante limitados em termos metodológicos. Mesmo assim, os estudos forneceram alguns indicativos sobre a influência dessa tecnologia, em especial para crimes sexuais, contra a vida e contra o patrimônio, porém mais em relação a este último, considerando os contextos que envolvem os diferentes fatos criminais (natureza do crime, local do material biológico depositado, relação vítima-autor etc.). Como os impactos efetivos ainda são amplamente desconhecidos, ainda sabemos muito pouco sobre a real influência dessa tecnologia para o *combate à impunidade* de certos crimes e muitos menos para o *combate à criminalidade*.

7. Em razão das limitações inerentes à funcionalidade dos bancos de perfis genéticos para encontrar um suspeito desconhecido, que depende das políticas de coleta de DNA para armazenamento de perfis de referência, formas alternativas estão sendo cada vez mais exploradas com essa tecnologia para além da abordagem tradicional, como forma de potencializar sua utilidade. O uso de estratégias como a pesquisa familiar, as redes de arrastos e o uso de inteligência forense/pesquisas criminológicas são formas emergentes de investigação (com exceção dos arrastos de DNA) em âmbito internacional. Essas estratégias acentuam ou originam novos problemas já estabelecidos em relação às técnicas investigativas envolvendo materiais biológicos.

8. Quando se analisa quais são os critérios das políticas de coletas de DNA, percebe-se que os países estão seguindo apenas o instinto sobre o risco que determinadas pessoas oferecem à sociedade por possuírem antecedentes criminais ou pertencer à grupos suspeitos – como imigrantes, por exemplo. Atualmente, apenas estão disponíveis estudos sobre *carreiras criminais* para orientar as políticas de coletas de DNA, que se baseiam em dados oficiais tendenciosos, porquanto esses dados registram apenas os crimes conhecidos e as pessoas criminalizadas. Como consequência, as políticas de coleta de DNA tendem a ser cada vez mais expansivas, por falta de justificativas nos critérios restritivos, mas que acabam afetando as disparidades existentes no sistema de justiça criminal.

9. Especificamente no Brasil, se os jovens, negros e pobres são desproporcionalmente criminalizados, é razoável deduzir que também serão sobrerrepresentados nos bancos de perfis genéticos, independentemente de quais crimes são cobertos pela política de coleta do DNA, em razão da seletividade dos crimes pela criminalização secundária. Não só em termos quantitativos (composição), mas também as mudanças qualitativas na forma de obtenção de pistas investigativas potencializam essas disparidades, à medida que os efeitos se estendem do individual para o familiar/coletivo. E as propostas como um banco contendo toda a população, embora aparentemente igualitárias, não necessariamente trarão efeitos equalizadores em razão da própria estrutura seletiva do sistema penal.

10. As políticas e estratégias que envolvem os bancos de perfis genéticos, ao tentarem passar uma mensagem de que entraremos em um caminho mais justo e equitativo do sistema de justiça criminal, em verdade estão direcionando novas formas de controle que produzem efeitos em corpos que, historicamente, não se quer ver e com os quais não se quer conviver. Assim, essa biovigilância reafirma e reproduz a posição subalterna de determinados indivíduos, naturalizando hierarquias raciais e sociais que são constantemente ressignificadas, causando a morte social e civil de jovens negros e pobres, os quais devem carregar o estigma de seus crimes,

com a finalidade de mantê-los à circularidade do cárcere. Em síntese, a tecnologia dos bancos de perfis genéticos constitui uma ferramenta que acaba reforçando o controle penal de grupos já marginalizados pelo sistema de justiça criminal, desde a sua composição às diferentes estratégias de investigação.

11. É por essas razões que os debates atinentes à política de coleta de DNA para fins de identificação criminal e armazenamento em bancos de perfis genéticos devem incluir o impacto desproporcional em minorias racialmente criminalizadas. Apenas apontamento de benefícios potenciais, deixando à margem discussões sobre sua real eficácia, as políticas de uso, os desafios e limitações enfrentados na prática e o impacto em minorias, podem desencadear políticas públicas ineficazes, além de reforçar estigmas sociais e étnicos-raciais. Os bancos de perfis genéticos estão exaurindo recursos cada vez mais significativos sem qualquer análise de custo-benefício. As expansões dos bancos de perfis genéticos, ao invés de trazerem maior justiça às minorias erroneamente condenadas, muitas vezes em razão dos conflitos e antagonismos sociais da nossa sociedade que são absorvidos pelo sistema de justiça criminal, podem intensificar a injustiça, como consequência colateral, por meio de uma biovigilância exclusiva dessas mesmas minorias.

12. Dessa forma, a pesquisa sugere, ainda como forma de um debate inicial, a possibilidade de maior ênfase na estratégia de inteligência proporcionada pelos vestígios biológicos, em vez do foco no uso e expansão de coleta de DNA de suspeitos e condenados. A sugestão parte de três pontos. Em primeiro lugar, da ausência de eficácia comprovada de obter maiores resultados com maior número de perfis de referência. Em segundo lugar, do impacto das políticas de expansões da coleta de DNA em pessoas racialmente marginalizadas pelo sistema de justiça criminal brasileiro. E, em terceiro lugar, da possibilidade de se obterem maiores resultados nas investigações criminais, com o uso de policiamento genético baseado em inteligência de forma mais proativa do que reativa.

13. Em suma, em razão de a pesquisa ser de natureza exploratória, não se teve a pretensão de fornecer respostas definitivas ou soluções imediatas para a pergunta que inicialmente levanta, eis que serão necessários obter maiores dados oficiais, atualmente indisponíveis, bem como pesquisas mais avançadas, especificamente no Brasil, para propor soluções de forma mais concreta e direcionadas. Mas chama-se atenção para a necessidade de ser incluído nos debates públicos e acadêmicos o tema atinente aos impactos gerados sobre minorias racialmente marginalizadas pelo sistema de justiça criminal quanto aos rumos e avanços dos bancos de perfis genéticos no país que visam à maior eficácia dessa tecnologia.

## REFERÊNCIAS

---

### Bibliografia

- ADMANI, Shabana.; BURRITT, Brian B.; SEBETAN, Ismail M. The effect of DNA evidence on incidence of property crime arrests. **Toxicol Forensic Med Open J.** v. 2. p. 41-45. 2017. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.17140/TFMOJ-2-118>>. Acesso em: 01 jan 2021.
- ADORNO, Sérgio. Discriminação racial e justiça criminal em São Paulo. **Novos estudos CEBRAP.** v. 43. p. 45-63. 1995.
- ADORNO, Sérgio. Racismo, criminalidade violenta e justiça penal: réus brancos e negros em perspectiva comparativa. **Revista Estudos Históricos.** v. 9. p. 283-300. 1996.
- AHURIRI-DRISCOLL, Annabel; TAURI, Juan; VETH, Johanna. Māori views of forensic DNA evidence: an instrument of justice or criminalizing technology?. **New Genetics and Society.** p. 1-18. 2020. Disponível em: <<https://hdl.handle.net/10092/101712>>. Acesso em: 04 mar. 2021.
- ALBERTS, Bruce et al. **Biologia Molecular da Célula.** 6ª ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.
- ALMEIDA, Silvio. **Racismo estrutural.** São Paulo: Jandaíra, 2020. p. 38; 47-48.
- AMANKWAA, Aaron Opoku; MCCARTNEY, Carole. The effectiveness of the UK national DNA database. **FSI: Synergy.** v. 1. p. 45-55. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.fsisyn.2019.03.004>>. Acesso em: 20 dez. 2020.
- AMORIM, António. Identificação genética através de análises de DNA. **Rev. Ciência Elem.** v. 7. 2019. Disponível em: <<http://doi.org/10.24927/rce2019.066>>. Acesso em: 20 out. 2020.
- AMORIM, António., FERNANDES, Teresa.; TAVEIRA, Nuno. Mitochondrial DNA in human identification: a review. **PeerJ.** v. 7. ed. 7314. p. 1-24. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.7717/peerj.7314>>. Acesso em: 04 out. 2020.
- ANDRADE, Vera Regina Pereira de. **A ilusão de segurança jurídica: do controle da violência à violência do controle penal.** 3 ed. Porto Alegre: Livraria do Advogado, 2015.
- ANKER, Anne Sofie Tegner; DOLEAC, Jennifer L.; LANDERSØ, Rasmus. The effects of DNA databases on the deterrence and detection of offenders. **American Economic Journal: Applied Economics.** 2017.
- ASHIKHMIN, Simon et al. Effectiveness and Cost Efficiency of DNA Evidence in Volume Crime Denver Colorado Site Summary. **Denver, CO: Denver District Attorney's Office & Denver Police Department Laboratory Bureau.** 2008.

- ASSOCIAÇÃO NACIONAL DOS PERITOS CRIMINAIS FEDERAIS (APCF). **Revista Perícia Federal**: banco de dados de perfis genéticos – o DNA a serviço da justiça. Brasília, ano IX, n. 26. p. 1-36. jun/2007 a mar/2008.
- BARATTA, Alessandro. **Criminologia crítica e crítica do direito penal: introdução à sociologia do direito penal**. 6 ed. Rio de Janeiro: Revan, 2002.
- BARBEAU, Pule. et al. A tyrosine hydroxylase microsatellite and hemodynamic response to stress in a multi-ethnic sample of youth. **Ethn. Dis.** v. 13, p. 186–192. 2003. Disponível em: <<https://www.ethndis.org/priorarchives/ethn-13-02-186.pdf>>. Acesso em: 05 dez. 2020.
- BATISTA, Vera Malaguti. **Diffíceis ganhos fáceis: Drogas e juventude pobre no Rio de Janeiro**. 2 ed. Rio de Janeiro: Revan, 2016.
- BATISTA, Vera Malaguti. **O medo na cidade do Rio de Janeiro**. 2 ed. Rio de Janeiro: Revan, 2003.
- BATISTA, Nilo. A violência do estado e os aparelhos policiais. In: **Discursos Sediciosos**. Crime, direito e sociedade. ano 2. 1997.
- BHATI, Avinash.; ROMAN, Catherina G. Evaluating and Quantifying the Specific Deterrent Effects of DNA Databases. **Evaluation Review**. v. 38. p. 68-93. 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/0193841X14531415>>. Acesso em: 25 dez. 2021.
- BEAUREGARD, Eric; BOUCHARD, Martin. Cleaning up your act: Forensic awareness as a detection avoidance strategy. *Journal of Criminal Justice*. v. 38. p. 1160-1166, 2010. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.jcrimjus.2010.09.004>>. Acesso em 2 mar. 2021.
- BECCARIA, Cesare. **Dos delitos e das penas**. São Paulo: Martin Claret, 2014. (tradução Torrieri Guimarães).
- BIEBER, Frederick R.; BRENNER, Charles H.; LAZER, David. Finding criminals through DNA of their relatives. **Science**. v. 312. p. 1315-1316. 2006.
- BIEBER, Frederick R. Turning Base Hits into Earned Runs: Improving the Effectiveness of Forensic DNA Data Bank Programs. **The Journal of Law, Medicine & Ethics**. v. 34. p. 222-233. 2006. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1748-720X.2006.00029.x>>. Acesso em: 26 dez. 2020.
- BONACCORSO, Norma Sueli. **Aplicação do exame de DNA na elucidação de crimes**. 2005. Dissertação (Mestrado em Direito Penal) - Faculdade de Direito, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2005. doi:10.11606/D.2.2005.tde-15092010-145947. Acesso em: 27 set. 2020.
- BONACCORSO, Norma Sueli. **Aspectos técnicos, éticos e jurídicos relacionados com a criação de bancos de dados criminais de DNA no Brasil**. 2010. Tese (Doutorado em Direito Penal) - Faculdade de Direito, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2010. doi:10.11606/T.2.2010.tde-04102010-141930. Acesso em: 18 set. 2020.



BORGES, Juliana. **Encarceramento em massa**. São Paulo: Jandaíra, 2020.

BORGES, Clara Maria Roman. Prefácio. In: SCHIOCCHET, Taysa; GARRIDO, Rodrigo Grazinolli. (Org.). **Bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal: práticas periciais e impactos jurídico-sociais (I)**. 1 ed. Rio de Janeiro: Multifoco, 2018.

BORGES, Clara Maria Roman; DE OLIVEIRA, João Rafael. A expansão do controle por meio das medidas cautelares pessoais diversas da prisão. **Revista da faculdade de direito UFPR**. v. 59. p. 225-247. 2014.

BORGES, Clara Maria Roman.; NASCIMENTO, Deise dos Santos. Sistema Penal, Normalização e Banco de dados de perfis genéticos. In: SCHIOCCHET, Taysa; GARRIDO, Rodrigo Grazinolli. (Org.). **Bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal: práticas periciais e impactos jurídico-sociais (I)**. 1 ed. Rio de Janeiro: Multifoco, 2018. p. 47-68.

BORTOLOZZI JUNIOR, Flávio. **Resistir para re-existir: criminologia (d) e resistência diante do governo necropolítico das drogas**. Belo Horizonte: Editora D'Plácido, 2019.

BOTSTEIN, David et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **Am. J. Hum. Genet.** v. 32. p. 314-331. 1980. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1686077/>>. Acesso em: 04 out. 2020.

BRADBURY, Sarah-Anne; FEIST, Andy. **The use of forensic science in volume crime investigations: a review of the research literature**. Online Report 43/05. London: Home Office, 2005.

BROWN, Allison A. **A Study of the Efficiency of the Combined DNA Index System for the Oregon State Police**. Dissertação (Master of Science) - Health Science Center at Fort Worth, University of North Texas, Texas, 2007. Disponível em: <<https://hdl.handle.net/20.500.12503/29589>>. Acesso em: 02 jan. 2021.

BURROWS, John et al. **Forensic Science Pathfinder project: evaluating increased forensic activity in two English police forces**. Online Report 46/05. London: Home Office, 2005.

BURROWS, John; TARLING, Roger. Measuring the impact of forensic science in detecting burglary and autocrime offences. **Science & Justice**. v. 44. p. 217-222. 2004. Disponível em: <[https://doi.org/10.1016/S1355-0306\(04\)71721-9](https://doi.org/10.1016/S1355-0306(04)71721-9)>. Acesso em: 26 dez. 2020.

BUTLER, John M. **Fundamentals of Forensic DNA Typing**. Elsevier Academic Press: San Diego, 2010.

BUTLER, John M. **Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Methodology**. Elsevier Academic Press: San Diego, 2012.

- BUTLER, John M. **The future of forensic DNA analysis. Philosophical transactions of the royal society B: biological sciences.** v. 370. p. 1-10. 2015. Disponível em: <<https://doi.org/10.1098/rstb.2014.0252>>. Acesso em: 8 nov. 2020.
- CAGLIÀ, Alessandra; STEFANONI, Patrizia; LA ROSA, A. Cold cases: New technologies for DNA analysis allow the reopening and solution of unsolved cases. **FSI: Genetics Supplement Series.** v. 3. p. e-230-231. 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2011.09.001>>. Acesso em: 8 nov. 2020.
- CAMPBELL, Rebecca et al. Connecting the dots: Identifying suspected serial sexual offenders through forensic DNA evidence. **Psychology of Violence.** v. 10. p. 255-267. 2020. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1037/vio0000243>>. Acesso em: 15 jan. 2021.
- CAMPBELL, Rebecca et al. Should rape kit testing be prioritized by victim–offender relationship? Empirical comparison of forensic testing outcomes for stranger and nonstranger sexual assaults. **Criminology & Public Policy.** v. 15. p. 555-583. 2016. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/1745-9133.12205>>. Acesso em: 29 jan. 2021.
- CAMPBELL, Rebecca et al. Will history repeat itself? Growth mixture modeling of suspected serial sexual offending using forensic DNA evidence. **Journal of criminal justice.** v. 61. p. 1-12. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.jcrimjus.2019.01.004>>. Acesso em: 15 jan 2021.
- CARVALHO, Nígela Rodrigues. **Genética Forense na Elucidação de Crimes Sexuais: o policiamento por meio dos bancos de perfis genéticos.** Dialética: Belo Horizonte, 2020.
- CARVALHO, Nígela Rodrigues et al. The contribution of DNA databases for stored sexual crimes evidences in the central of Brazil. **Forensic Sci. Int. Genet.** v. 46. n. 102235. 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2020.102235>>. Acesso em: 29 dez. 2020.
- CERQUEIRA, Caio Cesar Silva de. Viabilidade da predição de fenótipos humanos na prática da genética forense: aspectos técnicos e jurídicos. In: SCHIOCCHET, Taysa; GARRIDO, Rodrigo Grazinolli. (Org.). **Bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal: práticas periciais e impactos jurídico-sociais (I).** 1 ed. Rio de Janeiro: Multifoco, 2018.
- CERQUEIRA, Caio Cesar Silva de.; PABLO, Abdon da Costa Francez. Polimorfismos SNPs e INDELs. In: FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense.** 3 ed. Campinas: Millennium, 2020.
- CHAVES, Luís de Gonzaga Mendes. Minorias e seu estudo no Brasil. **Rev. C. Sociais.** v. II. 1971.
- CHEMALE, Gustavo et al. DNA Evidence in Property Crimes: An Analysis of More than 4200 Samples Processed by the Brazilian Federal Police Forensic Genetics Laboratory. **Brazilian Journal of Forensic Sciences, Medical Law and Bioethics.** v. 6. p. 108-117. 2016. Disponível em: <[http://dx.doi.org/10.17063/bjfs6\(1\)y2016108a](http://dx.doi.org/10.17063/bjfs6(1)y2016108a)>. Acesso em: 02 jan. 2021.

- CHOW-WHITE, Peter A., DUSTER, Troy. Do Health and Forensic DNA Databases Increase Racial Disparities?. **PLoS Med.** v. 8. p. 1-3. 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1001100>>. Acesso em: 27 fev. 2021.
- COELHO, Edmundo Campos. A criminalização da marginalidade e a marginalização da criminalidade. **Revista de administração Pública.** v. 12. p. 139-161. 1978. Disponível em: <<https://bibliotecadigital.fgv.br/ojs/index.php/rap/article/view/7458>>. Acesso em: 4 mar. 2021.
- COLE, Simon A. How much justice can technology afford? The impact of DNA technology on equal criminal justice. **Science and Public Policy.** v. 34. p. 95-107. 2007. Disponível em: <<https://doi.org/10.3152/030234207X190991>>. Acesso em: 06 mar. 2021.
- COLE, Simon A.; LYNCH, Michael. The social and legal construction of suspects. **Annu. Rev. Law Soc. Sci.** v. 2. p. 39-60. 2006. Disponível em: <<https://doi.org/10.1146/annurev.lawsocsci.2.081805.110001>>. Acesso em: 20 mar. 2021.
- CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA). **A avaliação do DNA como prova forense.** Comitê sobre Tecnologia do DNA na Ciência Forense. (Tradução e revisão F.A. Moura Duarte. Et al.). Ribeirão Preto: Funpec-RP, 2001.
- CONSELHO NACIONAL DE PESQUISA (EUA). **A Tecnologia do DNA na Ciência Forense.** Comitê sobre Tecnologia do DNA na Ciência Forense. (Tradução e revisão F.A. Moura Duarte. et al.). Ribeirão Preto: Funpec-RP, 1999.
- CONROY, Amy. **E-racing the Genetic Family Tree: A Critical Race Analysis of the Impact of Familial DNA Searching on Canada's Aboriginal Peoples.** Tese de Doutorado. Université d'Ottawa/University of Ottawa. 2016.
- CROSS, Theodore P. et al. Biological evidence in adult and adolescent sexual assault cases: Timing and relationship to arrest. **Journal of interpersonal violence.** v. 35. p. 1828-1839. 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/0886260517704229>>. Acesso em: 14 jan. 2020.
- CROSS, Theodore P. et al. **Forensic evidence and criminal justice outcomes in a statewide sample of sexual assault cases.** 2014. Disponível em: <<https://www.ncjrs.gov/pdffiles1/nij/grants/248254.pdf>>. Acesso em: 14 jan. 2020.
- CURRAN, James M.; BUCKLETON, John S. Effectiveness of familial searches. **Science & Justice.** v. 48. p. 164-167. 2008. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.scijus.2008.04.004>>. Acesso em: 05 fev. 2020.
- DANIEL, Runa; WALSH, Simon J. The Continuing Evolution of Forensic DNA Profiling - From STRS to SNPS. **Australian Journal of Forensic Sciences.** v. 38. p. 59-74. 2006. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1080/00450610609410633>>. Acesso em: 07 nov. 2020.
- DA SILVA, Adriana de Lourdes et al. Criminal Genetic Profile Database in Brazil: History and Evolution. **Brazilian Journal of Forensic Sciences, Medical Law and Bioethics.** v. p.

- 499-520. Disponível em: <[https://doi.org/10.17063/bjfs9\(4\)y2020499-520](https://doi.org/10.17063/bjfs9(4)y2020499-520)>. Acesso em: 7 nov. 2020.
- DA SILVA JUNIOR, Ronaldo Carneiro et al. Geolocation of the Brazilian National DNA Database matches as a tool for improving public safety and the promotion of justice. **FSI: Genetics Supplement Series**. v. 7. p. 549-551. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2019.10.086>>. Acesso em: 8 nov. 2020.
- DE BENEDICTIS, G. et al. Gene/longevity association studies at four autosomal loci (REN, THO, PARP, SOD2). **Eur. J. Hum. Genet.** v. 6. p. 534–541. 1998. Disponível: <<https://doi.org/10.1038/sj.ejhg.5200222>>. Acesso em: 02 dez. 2020.
- DE SANTANA, Célia Maria Marques; ABDALLA-FILHO, Elias. Banco Nacional de Perfis Genéticos Criminal: uma discussão bioética. **Revista Brasileira de Bioética**. v. 8. p. 1-4. 2012.
- DEBUS-SHERRILL, Sara; FIELD, Michael B. Familial DNA searching-an emerging forensic investigative tool. **Science & Justice**. v. 59. p. 20-28. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.scijus.2018.07.006>>. Acesso em: 01 fev. 2020.
- DE MOOR, Sabine. **Forensic DNA databases as data sources for criminological research**. 2018. Tese de Doutorado. Ghent University. Disponível em: <<https://biblio.ugent.be/publication/8581556/file/8581559>>. Acesso em: 5 mar. 2021.
- DOLEAC, Jennifer L. How do State Crime Policies Affect Other States? **The Externalities of State DNA Database Laws**. p. 1-22. 2016. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.2892046>>. Acesso em: 28 jan 2021.
- DOLEAC, Jennifer L. The Effects of DNA Databases on Crime. **American Economic Journal: Applied Economics**. v. 9. p. 165-201. 2017. Disponível em: <<https://doi.org/10.1257/app.20150043>>. Acesso em: 29 jan. 2021.
- DOMENICI, Thiago; BARCELOS, Iuri. Negros são mais condenados por tráfico e com menos drogas em São Paulo. São Paulo: **Pública**. v. 5. 2019.
- DUSTER, Troy; LAZER, David. Selective arrests, an ever-expanding DNA forensic database, and the specter of an early-twenty-first-century equivalent of phrenology. **Tactical Biopolitics**. p. 159-176. 2004.
- ENFSI. Report on Criminal Cases in Europe solved by ILS (DNA Mass Testing). **24 th ENFSI DNA Working Group meeting in Bled**, 2006.
- ESPÓSITO, Breno Pannia. **DNA e engenharia genética**. In: Luiz Carlos Pizarro Marin. (Coord.). 2. ed. São Paulo: Atual, 2015.
- FELLER, Marcelo. Lei nº 12.654/2012: Solução ou Problema. In: **Revista Jurídica Consulex**. Brasília, v. 17, n. 389, p. 38–39, abr. 2013.

- FERREIRA, Samuel TG et al. The use of DNA database of biological evidence from sexual assaults in criminal investigations: A successful experience in Brasília, Brazil. **Forensic Science International: GSS**. v. 5. p. e595-e597. 2015.
- FIELD, Michael B. et al. Study of familial DNA searching policies and practices: Case study brief series. **ICF**. 2017.
- FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020.
- FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. Cadeia de custódia: do local de crime ao trânsito em julgado; do vestígio à evidência. **Revista dos Tribunais**. ano. 98. v. 883. p. 436-451, 2009.
- FILHO, Rodrigues Dias Filho; GARRIDO, Grazinoli Garrido; CÂNDIDO, Ian Marques. Cadeia de Custódia, Coleta e Acondicionamento de amostras forenses. In: FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020.
- FILHO, Claudemir Rodrigues Dias; MENEZES, Meiga Aurea Mendes; FRANCEZ, Pablo Abdon da Costa. História da Genética Forense. In: FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020.
- FLAUZINA, Ana Luiza Pinheiro. **Corpo negro caído no chão: o sistema penal e o projeto genocida do Estado brasileiro**. Dissertação (Mestrado em Direito) – Universidade de Brasília, Brasília, 2006.
- FONNELOP, Ane Elida et al. Contamination during criminal investigation: Detecting police contamination and secondary DNA transfer from evidence bags. **FSI: Genetics**. v. 23. p. 121-129. 2016. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2016.04.003>>. Acesso em: 8 nov. 2020.
- FONSECA, Claudia. Mediações, tipos e figurações: reflexões em torno do uso da tecnologia DNA para identificação criminal. **Anuário Antropológico**. p. 9-33. 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.4000/aa.363>>. Acesso em: 25 fev. 2021.
- FRANCEZ, Pablo Abdon da Costa; RESQUE, Rafael Lima. Polimorfismos Y DNA. In: FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020.
- FREDERICK, Bruce et al. Expanding the Offender Index of the New York State DNA Data Bank. **Division of Criminal Justice Services**. Albany, Nova York. January, 2002. Disponível em: <<https://projects.nfstc.org/fse/pdfs/expand.pdf>>. Acesso em: 16 jan. 2021.
- GABRIEL, Matthew.; BOLAND, Cherisse.; HOLT, Cydne. Beyond the Cold Hit: Measuring the Impact of the National DNA Data Bank on Public Safety at the City and County Level. **The Journal of Law, Medicine & Ethics**. v. 38. p. 396-411. 2010. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1748-720X.2010.00498.x>>. Acesso em: 02 jan. 2021.



- GARCÍA, Óscar; CRESPILO, Manuel; YURREBASO, Iñaki. Suspects identification through “familial searching” in DNA databases of criminal interest. Social, ethical and scientific implications. **Spanish Journal of Legal Medicine**. v. 43. p. 26-34. 2017. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.remle.2017.02.002>>. Acesso em: 25 fev. 2021.
- GARLAND, David. **A Cultura do Controle**: Crime e ordem social na sociedade contemporânea. Rio de Janeiro: Revan, 2017. p. 316-317. (Tradução André Nascimento).
- GARRIDO, Rodrigo Grazinoli. Crítica científica de “Investigação criminal genética – banco de perfis genéticos, fornecimento compulsório de amostra biológica e prazo de armazenamento de dados” - Apontamentos sobre a inconstitucionalidade da Lei 12.654/2012. **Revista Brasileira de Direito Processual Penal**. v. 4. p. 889-900. mai./ago. 2018. Disponível em: <<https://doi.org/10.22197/rbdpp.v4i2.163>>. Acesso em: 18 jan. 2021.
- GARRIDO, Rodrigo Grazinoli.; COSTA, Beatriz Rodrigues Neves da. O Banco Nacional de Perfis Genéticos: Uma Análise da Efetividade e Eficiência. **Revista Duc In Altum: Cadernos de Direito**. v. 12. p. 155-186. 2020.
- GARRIDO, Rodrigo Grazinoli; RODRIGUES, Eduardo Leal. O banco de perfis genéticos brasileiro três anos após a Lei nº 12.654. **Revista de bioética y derecho**. n. 35 p. 94-107. 2015. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1344/rbd2015.35.14284>>. Acesso em: 25 nov. 2021.
- GIAMBERARDINO, André. **Comentários à Lei de Execução Penal**. Belo Horizonte: CEI, 2018.
- GILL, Peter; JEFFREYS, Alec J.; WERRETT, David J. Forensic application of DNA 'fingerprints'. **Nature**. v. 318. p. 577-579. 1985. Disponível em: <<https://www.nature.com/articles/318577a0>>. Acesso em: 06 set. 2020.
- GILL, Peter. et al. An assessment of whether SNPs will replace STRs in national DNA databases--joint considerations of the DNA working group of the European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI) and the Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGDM). **Science & Justice**. v. 44. p. 51-53. Jan. 2004. Disponível em: <[https://doi.org/10.1016/S1355-0306\(04\)71685-8](https://doi.org/10.1016/S1355-0306(04)71685-8)>. Acesso em: 07 nov. 2020.
- GIUSTINA, Ana Carolina Bernardi et al. Reação em cadeia da polimerase. In: FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020.
- GLAZE, Lauren E.; MARUSCHAK, Laura M. Parents in Prison and Their Minor Children. **Bureau of Justice Statistics**. 08.08.2008. Revised 3/30/10. Disponível em: <<https://www.bjs.gov/index.cfm?ty=pbdetail&iid=823>>. Acesso em: 02 fev. 2020.
- GONZÁLEZ, Benito Ramos et al. Biological Evidence Analysis in Cases of Sexual Assault. In: BOLDURA, Oana-Maria. (Org.). **Biochemical Analysis Tools: Methods for Bio-**



- Molecules Studies.** IntechOpen, 2020. p. 1-25. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.5772/intechopen.82164>>. Acesso em: 20 dez. 2020.
- GOODMAN-WILLIAMS, Rachael et al. How to right a wrong: empirically evaluating whether victim, offender, and assault characteristics can inform rape kit testing policies. **Journal of Trauma & Dissociation.** v. 20. p. 288-303. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1080/15299732.2019.1592645>>. Acesso em: 29 jan. 2021.
- GRECO, Rogério. Coleta de perfil genético como forma de identificação criminal. In: **Revista Jurídica Consulex.** Brasília, v. 17, n. 389, p. 32–33, abr., 2013.
- GREELY, Henry T. et al. Family ties: the use of DNA offender databases to catch offenders' kin. **The Journal of Law, Medicine & Ethics.** v. 34. p. 248-262. 2006. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1748-720X.2006.00031.x>>. Acesso em: 26 fev. 2021.
- HEGDE, Madhuri R.; CROWLEY, Michael R. Genome and Gene Structure. **Emery and Rimoin's Principles and Practice of Medical Genetics and Genomics.** 7 ed. Elsevier Academic Press: Los Angeles, 2019. p. 53-77. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/B978-0-12-812537-3.00004-4>>. Acesso em: 05 dez. 2020.
- HICKS T. et al. Use of DNA profiles for investigation using a simulated national DNA database: Part II. Statistical and ethical considerations on familial searching. **Forensic Sci Int Genet.** v. 4. p. 316-322. 2010.
- HOUSE, John et al. Improving the effectiveness of the national DNA data bank: a consideration of the criminal antecedents of predatory sexual offenders. **Canadian Journal of Criminology and Criminal Justice.** v. 48. p. 61-75. 2006. Disponível em: <DOI: 10.1353 / ccj.2006.0007>. Acesso em: 29 jan 2021.
- HUI, Liu et al. A new design without control population for identification of gastric cancer-related allele combinations based on interaction of genes. **Gene.** v. 540. p. 32-6. 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.gene.2014.02.033>>. Acesso em: 05 dez. 2020.
- HULSMAN, Louk; CELIS, Jacqueline Bernat de. **Penas perdidas, o sistema penal em questão.** (Tradução Maria Lúcia Karam). 3 ed. Belo Horizonte, São Paulo: D'Plácito, 2021.
- IPEA. **A aplicação de penas e medidas alternativas.** Novembro, 2014. Disponível em: <<https://apublica.org/wp-content/uploads/2015/02/pesquisa-ipea-provisorios.pdf>>. Acesso em 15 abr. 2021.
- HULSMAN, Louk. La criminologia crítica y el concepto del delito. **Poder y control.** Barcelona. p. 119-311. jul./set. 1986.
- JACEWICZ, Renata et al. Will genetic polymorphism of tetranucleotide sequences help in the diagnostics of major psychiatric disorders?. **Forensic. Sci. Int.** v. 162. p. 24–27. 2006. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2006.06.024>>. Acesso em: 02 dez. 2020

- JACQUES, Guilherme Silveira; ARANHA, Tatiana H. C. Bancos de Perfis Genéticos. In: FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020.
- JACQUES, Guilherme Silveira; MINERVINO, Aline. Aspectos éticos e legais dos bancos de dados de perfis genéticos. **Revista Perícia Federal: Local de Crime**. Brasília, ano IX, n. 26. p. 17-20. junho/2007 a março 2008.
- JEFFREYS, Alec. J.; WILSON, Victoria; THEIN, Swee Lay. Individual-specific ‘fingerprints’ of human DNA. **Nature**. v. 316. p. 76-79. 1985. Disponível em: <<https://www.nature.com/articles/316076a0>>. Acesso em: 06 set. 2020.
- JEFFREYS, Alec. J.; BROOKFIELD, John. F.; SEMEONOFF Robert. Positive identification of an immigration test-case using human DNA fingerprints. **Nature**. v. 317. p. 818-819. 1985. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/317818a0>>. Acesso em 06 set. 2020.
- JEUNIAUX, Patrick et al. Establishing networks in a forensic DNA database to gain operational and strategic intelligence. **Secur J.** v. 29. p. 584–602. 2016. Disponível em: <<https://doi.org/10.1057/sj.2015.31>>. Acesso em: 5 nov. 2020.
- JOHNSON, Donald et al. Use of forensic science in investigating crimes of sexual violence: Contrasting its theoretical potential with empirical realities. **Violence Against Women**. v. 18. p. 193-222. 2012. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/1077801212440157>>. Acesso em: 16 jan. 2021.
- JULIÃO, Elionaldo F. **Ressocialização através da educação e do trabalho no Sistema Penitenciário Brasileiro**. Tese (Doutorado) em Ciências Sociais – Universidade do Estado do Rio de Janeiro, UERJ. Orientador: José Ignácio Cano Gestoso. 2009.
- KASHYAP, Vijendra. K. et al. DNA Profiling Technologies in Forensic Analysis. **International Journal of Human Genetics**. v. 4. ed. 1. p. 11-30. 2004. Disponível em: <<https://doi.org/10.1080/09723757.2004.11885864>>. Acesso em: 8 nov. 2020.
- KATSANIS, Sara H. et al. Characterization of the Standard and Recommended CODIS Markers. **J. Forensic Sci.** v. 58. p. 1-4. 2012. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1556-4029.2012.02253.x>>. Acesso em: 05 dez. 2020.
- KAYE, David. Please, Let's Bury the Junk: The CODIS Loci and the Revelation of Private Information. **Nw. U. L. Rev. Colloquy**. v. 102. p. 70-81. 2007. Disponível em: <[https://scholarlycommons.law.northwestern.edu/nulr\\_online/81](https://scholarlycommons.law.northwestern.edu/nulr_online/81)>. Acesso em: 06 dez. 2020.
- KAYE, David H.; SMITH, Michael E. DNA Identification Databases: Legality, Legitimacy, and the Case for Population-Wide Coverage. **Wisconsin Law Review**. p. 413-459. 2003. Disponível em: <<https://ssrn.com/abstract=2054739>>. Acesso em: 29 fev. 2021.
- KAZEMIAN, Lila; PEASE, Ken; FARRINGTON, David P. DNA retention policies: the potential contribution of criminal career research. **European Journal of Criminology**. v. 8. p. 48-64. 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/1477370810373731>>. Acesso em: 27 fev. 2021.

- KIM, Joyce et al. Policy implications for familial searching. **Investigative Genetics**. v. 2. p. 1-9. 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1186/2041-2223-2-22>>. Acesso em: 6 mar. 2021.
- KLEPPE Kjell et al. Studies on polynucleotides. XCVI. Repair replication of short synthetic DNA's as catalysed by DNA polymerases. **Journal of Molecular Biology**. v. 56. p. 341-361. 1971.
- KRIMSKY, Sheldon; SIMONCELLI, Tania. **Genetic justice: DNA data banks, criminal investigations, and civil liberties**. Columbia University Press, 2010. (versão e-book).
- KUPERUS, W. R. et al. Crime scene links through DNA evidence: The practical experience from Saskatchewan casework. **Canadian Society of Forensic Science Journal**. v. 36. p. 19-28. 2003. Disponível em: <<https://doi.org/10.1080/00085030.2003.10757553>>. Acesso em: 03 out. 2020.
- LACERDA, Pedro. Doação de DNA por criminosos pode ser lei. **Revista Perícia Federal: Local de Crime**. Brasília, ano XIII, n. 29. p. 32-35. mar/2012.
- LAMMERS, Marre; BERNASCO, Wim; ELFFERS, Henk. How long do offenders escape arrest? Using DNA traces to analyse when serial offenders are caught. **Journal of Investigative Psychology and Offender Profiling**. v. 9. p. 13-29. 2012. Disponível em: <<https://doi.org/10.1002/jip.1353>>. Acesso em: 4 nov. 2020.
- LAMMERS, Marre; BERNASCO, Wim. Are mobile offenders less likely to be caught? The influence of the geographical dispersion of serial offenders' crime locations on their probability of arrest. **European Journal of Criminology**. v. 10. p. 168-186, 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/0022427813504097>>. Acesso em: 4 nov. 2020.
- LAMMERS, Marre. Are arrested and non-arrested serial offenders different? A test of spatial offending patterns using DNA found at crime scenes. **Journal of Research in Crime and Delinquency**. v. 51. p. 143-167. 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/1477370812464533>>. Acesso em: 4 nov. 2020.
- LEARY, Dick, PEASE, Ken. DNA and the Active Criminal Population. **Crime Prev. Community Saf.** v. 5. p. 7-12. 2003. Disponível em: <<https://doi.org/10.1057/palgrave.cpcs.8140135>>. Acesso em: 26 dez. 2020.
- LEE, Henry C.; LADD, Carll. Preservation and Collection of Biological Evidence. **Croatian Medical Journal**. v. 32. p. 225-228. 2001. Disponível em: <[https://www.abacusdiagnostics.com/Collection\\_of\\_Evidence.pdf](https://www.abacusdiagnostics.com/Collection_of_Evidence.pdf)>. Acesso em: 03 out. 2020.
- LEE, Henry C., PAGLIARO, Elaine M. Forensic Evidence and Crime Scene Investigation. **Journal of Forensic Investigation**. v. 1. ed. 2. p.1-5. 2013. Disponível em: <<https://www.avensononline.org/fulltextarticles/JFI-2330-0396-01-0004.html>>. Acesso em: 04.10.2020.

- LI, Yon Chu et al. Microsatellites within genes: structure, function, and evolution. **Mol. Biol. Evol.** v. 21. p. 991–1007. Disponível em: <<https://doi.org/10.1093/molbev/msh073>>. Acesso em: 04 dez. 2020.
- LIMA, Hélio Buchmuller. DNA x Criminalidade. **Revista Perícia Federal**: banco de dados de perfis genéticos – o DNA a serviço da justiça. Brasília, ano IX, n. 26. p. 8-11. jun/2007 a mar/2008.
- LOPES JR. Aury. **Direito processual penal**. 17 ed. São Paulo: Saraiva Educação, 2020.
- LOUZADA, Luiza; VELOZO, Letícia. A regulamentação da identificação criminal por DNA no Brasil: uma reflexão necessária para um debate qualificado. In: SCHIOCCHET, Taysa; GARRIDO, Rodrigo Grazinoli. (Org.). **Bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal**: práticas periciais e impactos jurídico-sociais (I). 1 ed. Rio de Janeiro: Multifoco, 2018. p. 119-174.
- LUDWIG, Anika; FRASER, Jim. Effective use of forensic science in volume crime investigations: Identifying recurring themes in the literature. **Science & Justice**. v. 54. p. 81-88, 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.scijus.2013.09.006>>. Acesso em: 10 mar. 2021.
- LUO, Shiyu et al. Biparental Inheritance of Mitochondrial DNA in Humans. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**. v. 115. ed. 51. p. 13039-13044. 2018. Disponível em: <<https://doi.org/10.1073/pnas.1810946115>>. Acesso em: 04 out. 2020.
- MACHADO, Antônio Alberto. **Identificação Criminal pelo DNA**. Disponível em: <[http://www.midia.apmp.com.br/arquivos/pdf/artigos/2012\\_identificacao.pdf](http://www.midia.apmp.com.br/arquivos/pdf/artigos/2012_identificacao.pdf)>. Acesso em: 19/10/2014.
- MACHADO, Helena; SILVA, Susana; AMORIM, Antônio. Políticas de identidade: perfil de DNA e a identidade genético-criminal. **Análise Social**. p. 537-553, 2010. Disponível em: <<http://www.jstor.org/stable/41012816>>. Acesso em: 9 out. 2020.
- MACHADO, Helena et al. Vigilância genética, criminalização e coletivização da suspeição. In GOMES, S. et al. (Eds.). **Desigualdades Sociais e Políticas Públicas**: Homenagem a Manuel Carlos Silva. pp. 529-548. Vila Nova de Famalicão: Húmus, 2018.
- MAGUIRE, Christopher N. et al. Familial searching: A specialist forensic DNA profiling service utilising the National DNA Database to identify unknown offenders via their relatives—The UK experience. **FSI: Genetics**. v. 8. p. 1-9. 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.07.004>>. Acesso em: 05 fev. 2021.
- MAPES, Anna A.; KLOOSTERMAN, Ate D.; DE POOT, Christianne J. DNA in the criminal justice system: the DNA success story in perspective. **Journal of forensic sciences**. v. 60. p. 851-856. 2015. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/1556-4029.12779>>. Acesso em: 01 jan. 2021.
- MARCÃO, Renato. **Lei de Execução Penal Anotada**. 4ª Edição. São Paulo, Editora Saraiva, 2013.

- MCEWEN, Tom. The role and impact of forensic evidence in the criminal justice system, final report. Washington, DC: **National Institute of Justice**. 2011.
- MCCARTNEY, Carole. The DNA expansion programme and criminal investigation. **British Journal of Criminology**. v. 46. p. 175-192, 2006. Disponível em: <<https://doi.org/10.1093/bjc/azi094>>. Acesso em: 2 out. 2020.
- MENEZES, Meiga; KOSHIKENE, Daniela; BITTENCOURT, Eloísa A. Aspectos periciais no combate aos crimes sexuais. **Perícia Federal**. Brasília, ano XV, n. 43. p. 10-17. jun/2019.
- MERAZ-RÍOS, Marco Antonio et al. Association of vWA and TPOX polymorphisms with venous thrombosis in Mexican mestizos. **BioMed research international**, v. 2014. p. 697-689. 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1155/2014/697689>>. Acesso em: 05 dez. 2020.
- MICHELIN, Kátia et al. Bancos de Dados de Perfis Genéticos no combate aos crimes sexuais. **Revista Perícia Federal: Local de Crime**. Brasília, ano IX, n. 26. p. 13-16. junho/2007 a março 2008.
- MOREAU, Yves. Crack down on genomic surveillance. **Nature**. v. 576. p. 36-38. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/d41586-019-03687-x>>. Acesso em 03 nov. 2020.
- MULLIS, Katy B. et al. Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. **Cold Spring Harb Symp Quant Biol**. v. 51. ed. 1. p. 263-273. 1986.
- MURPHY, Erin. Forensic DNA typing. **Annual Review of Criminology**. v. 1 p. 497-515. 2018. Disponível em: <<https://doi.org/10.1146/annurev-criminol-032317-092127>>. Acesso em: 02 mar. 2021.
- MURPHY, Erin E. **Inside the Cell: The Dark Side of Forensic DNA**. PublicAffairs, 2015. Edição do Kindle.
- MURPHY, Erin; TONG, Jun H. The racial composition of forensic DNA databases. **Calif. L. Rev.** v. 108. p. 1847-1911. 2020. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.3477974>>. Acesso em: 27 fev. 2021.
- NASCIMENTO, André. Prefácio. In: GARLAND, David. **A Cultura do Controle: Crime e ordem social na sociedade contemporânea**. (Tradução André Nascimento). Rio de Janeiro: Revan, 2017.
- NICOLITT, André. WEHRS, Carlos Ribeiro. **Intervenções Corporais no Processo Penal e a Nova Identificação Criminal**. Lei 12.654/12. 2 ed. São Paulo: Revista dos Tribunais, 2015.
- NIU, Deng-Ke; JIANG, Li. Can ENCODE tell us how much junk DNA we carry in our genome?. **B.B.R.C.** v. 430. p. 1340-1343. 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2012.12.074>>. Acesso em: 02 dez. 2020.



- NUCCI, Guilherme de Souza. **Manual de Processo Penal e Execução Penal**. 10. ed. São Paulo: Revista dos Tribunais, 2013.
- NUNES, Adeildo. **Da execução Penal**. 3. ed. Rio de Janeiro: Forense, 2013.
- NUSSBAUM, Robert L.; McINNES, Roderick R.; WILLARD, Huntington F. **Thompson & Thompson, Genética Médica**. (Tradução Ana Julia Perrotti Garcia). 8. ed. Rio de Janeiro: Elsevier, 2016.
- PACELLI, Eugênio. **Curso de Processo Penal**. 17. ed. São Paulo: Atlas, 2013.
- PAVARINI, Massimo; GIAMBERARDINO, André. **Curso de Penalogia e Execução Penal**. Florianópolis: Tirant To Blanch, 2018.
- PEDUZZI, Pedro. Rede Nacional de Genético Forense. **Revista Perícia Federal**: Local de Crime. Brasília, ano IX, n. 26. p. 6. jun./2007 a mar.2008.
- PETERSON, Joseph et al. Sexual assault kit backlog study. **National Institute of Justice**. 2012.
- PETERSON, Joseph et al. The role and impact of forensic evidence in the criminal justice process. **National Institute of Justice**. p. 1-151. 2010.
- PINTO, Letícia B.; CAPUTO, Isamara G. C.; PEREIRA, Margaret M. Importância do DNA em Investigações Forenses: Análise de DNA Mitocondrial. **Brazilian Journal of Forensic Sciences, Medical Law and Bioethics**. v. 6. p. 84-107. 2016. Disponível em: <[http://dx.doi.org/10.17063/bjfs6\(1\)y201684](http://dx.doi.org/10.17063/bjfs6(1)y201684)>. Acesso em: 04 out. 2020.
- PIRES, Thula Rafaela de Oliveira. Do ferro quente ao monitoramento eletrônico: controle, desrespeito e expropriação de corpos negros pelo Estado brasileiro. In. FLAUZINA, Ana. et al (Org.). **Discursos negros: legislação penal, política criminal e racismo**. Brasília: Brado Negro. p. 44-82, 2015.
- PITOMBO, Sérgio Marcos de Moraes. Identificação Criminal e banco de dados genéticos. In: **Revista do Advogado**. São Paulo. n. 78. p. 7-12. ano XXIV. set-2004.
- POETSCH, Micaela et al. Evaluation of allelic alterations in short tandem repeats in different kinds of solid tumors—possible pitfalls in forensic casework. **Forensic Science International**. v. 145. p. 1-6. 2004. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2004.03.006>>. Acesso em: 05 dez. 2020.
- POMBO, Ana Maria Lima; FRACEZ, Pablo Abdon da Costa; SILVA, R.S. Risco de contaminação por DNA de alto peso molecular e por *amplicons* em Laboratório de Genética Forense no Brasil. **Rev. Bras. Crimin.** v. 9. n. 2. p. 85-94. 2020. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.15260/rbc.v9i2.245>>. Acesso em: 8 nov. 2020.
- QUEIJO, Maria Elizabeth. O princípio nemo tenetur se detegere e a coleta de material genético: identificação criminal ou colaboração na produção da prova. **Boletim Instituto Brasileiro de Ciências Criminais**. v. 21. n. 250. 2013.
- RANGEL, Paulo. **Direito Processual Penal**. 21. ed. São Paulo: Atlas, 2013.



- RICE, Alec. Brave New Circuit: Creeping towards DNA Database Dystopia in US v. Wikert. **Roger Williams UL Rev.** v. 14. p. 691-798. 2009. Disponível em: <[https://docs.rwu.edu/rwu\\_LR/vol14/iss3/6](https://docs.rwu.edu/rwu_LR/vol14/iss3/6)>. Acesso em: 04 jan. 2021.
- RICHTER, Vitor Simonis. **Identificação Genética e Crime: a introdução dos bancos de DNA no Brasil**. 2016. Tese (Doutorado em Antropologia Social) - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, RS. Disponível em: <<http://hdl.handle.net/10183/178189>>. Acesso em: 8 dez. 2020.
- RISHER, Michael T. 3. Racial Disparities in Databanking of DNA Profiles. In: **Race and the Genetic Revolution**. Columbia University Press. p. 47-67. 2011.
- RIZZO, Mariane Vieira. O uso da biotecnologia com o devido respeito aos direitos fundamentais do ser humano - uma análise crítica necessária. In: **Revista do Laboratório de Estudos da Violência da UNESP**. 11. ed. p. 15-27, 11, mai-2013.
- ROBERTS, Dorothy. Collateral Consequences, Genetic Surveillance and the New Biopolitics of Race. **Howard LJ**. v. 54. p. 567-586. 2010.
- RODA, Arménio Alberto Rodrigues. O racismo prisional: crítica às políticas carcerárias no extermínio de corpos negros. **Revista Direito & Paz**. v. 2. p. 189-206. 2020.
- RODRIGUES, Eduardo; GARRIDO, Rodrigo. Polimorfismos genéticos e STRs. In: FILHO, Claudemir Rodrigues Dias. et al. (Org.). **Introdução à Genética Forense**. 3 ed. Campinas: Millennium, 2020.
- ROHLFS, Rori V.; FULLERTON, Stephanie M.; WEIR, Bruce S. Familial Identification: Population Structure and Relationship Distinguishability. **PLoS Genet.** v. 8. p. 1-13. 2012. Disponível: <<https://doi.org/10.1371/journal.pgen.2002469>>. Acesso em: 28 fev. 2021.
- ROIG, Rodrigo Duque Estrada. **Execução penal: teoria crítica**. 3 ed. São Paulo: Saraiva, 2017.
- ROMAN, John K. et al. The DNA field experiment: a randomized trial of the cost-effectiveness of using DNA to solve property crimes. **Journal of Experimental Criminology**. v. 5. p. 345-369. 2009. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s11292-009-9086-4>>. Acesso em: 05 jan. 2021.
- SANTOS, Anderson Eduardo dos. As principais linhas da biologia forense e como auxiliam na resolução de crimes. **Rev. Bras. Crimin.** v. 7. n. 3. p. 12-20. 2018. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.15260/rbc.v7i3.190>>. Acesso em: 8 nov. 2020.
- SANTOS, Filipe; MACHADO, Helena; SILVA, Susana. Forensic DNA databases in European countries: is size linked to performance?. **Life Sciences, Society and Policy**. v. 9. p. 1-13. 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.1186/2195-7819-9-12>>. Acesso em: 4 dez. 2020.
- SAUTHIER, Rafael. **A identificação e a investigação criminal genética à luz dos direitos fundamentais e da Lei 12.654/12**. 1 ed. Curitiba: CRV, 2015.

- SAUTHIER, Rafael. São possíveis a identificação e a investigação criminal genética em harmonia com os direitos fundamentais? In: SCHIOCCCHET, Taysa; GARRIDO, Rodrigo Grazinolli. (Org.). **Bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal: práticas periciais e impactos jurídico-sociais (I)**. 1 ed. Rio de Janeiro: Multifoco, 2018.
- STALEY, Kristina. **The Police National DNA Database: Balancing Crime Detection, Human Rights and Privacy**. 2005. Disponível em: <<http://www.genewatch.org/uploads/f03c6d66a9b354535738483c1c3d49e4/NationalDNADatabase.pdf>>. Acesso em: 1 nov. 2020.
- SCHIOCCCHET, Taysa. Bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal. **Série pensando o direito**. vol. 43. Brasília: Ministério da Justiça, 2012.
- SCHIOCCCHET, Taysa. O humano entre o direito e a genética: pressupostos para o debate legislativo acerca das implicações jurídicas concernentes à criação de bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal no Brasil. In: SCHIOCCCHET, Taysa (Org.). **Bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal: análise interdisciplinar e em direito comparado**. Rio de Janeiro: Multifoco, 2015.
- SCHIOCCCHET, Taysa; DA CUNHA, Anita Spies; LAZZARETTI, Bianca Kaini. Bancos de Perfis Genéticos Para Fins de Persecução Criminal: Implicações jurídicas à privacidade, intimidade e estigmatização genéticas. In.: SCHIOCCCHET, Taysa; GARRIDO, Rodrigo Grazinolli. (Org.). **Bancos de perfis genéticos para fins de persecução criminal**. Rio de Janeiro: Multifoco, 2018.
- SENGE, Tim et al. STRs, mini STRs and SNPs – A comparative study for typing degraded DNA. **Legal Medicine**. v. 13. p. 68-74. 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.legalmed.2010.12.001>>. Acesso em: 30 dez. 2020.
- SILVA JUNIOR, Ronaldo Carneiro da et al. Development of DNA databases in Latin America. **Forensic Science International**. v. 316. p. 1-13. 2020. p. 3. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2020.110540>>. Acesso em: 6 jan. 2021.
- SILVA JUNIOR, Ronaldo Carneiro da et al. Geolocation of the Brazilian National DNA Database matches as a tool for improving public safety and the promotion of justice. **FSI: Genetics Supplement Series**. v. 7. p. 549-551. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2019.10.086>>. Acesso em: 8 nov. 2020.
- SILVA, Mariana Lins de Carli Silva. Capital genético da miséria: a proposta de expansão do Banco Nacional de Perfil Genético. **IBCCrim**. Boletim. ano. 17. n. 326. p. 13-16. janeiro/2020.
- SIMONCELLI, Tania. Dangerous excursions: the case against expanding forensic DNA databases to innocent persons. **The Journal of Law, Medicine & Ethics**. v. 34. p. 390-397. 2006. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1748-720X.2006.00045.x>>. Acesso em: 03 mar. 2021.

- SINHORETTO, Jacqueline. **Mapa do encarceramento**: os jovens do Brasil. Secretaria Nacional da Juventude, 2015.
- SINHORETTO, Jacqueline; SILVESTRE, Giane; MELO, Felipe Athayde Lins de. O encarceramento em massa em São Paulo. **Tempo social**. v. 25. p. 83-106. 2013.
- SKINNER, David. 'The NDNAD has no ability in itself to be discriminatory': Ethnicity and the governance of the UK National DNA Database. **Sociology**. v. 47. p. 976-992. 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/0038038513493539>>. Acesso em: 20 mar. 2021.
- SMITH, Michael E. Let's make the DNA identification database as inclusive as possible. **The Journal of Law, Medicine & Ethics**. v. 34. p. 385-389. 2006. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1748-720X.2006.00044.x>>. Acesso em: 8 jan. 2021.
- SOKHANSANJ, Bahrad A. Beyond protecting genetic privacy: understanding genetic discrimination through its disparate impact on racial minorities. **Colum. J. Race & L.** v. 2. p. 279. 2012.
- SOLOMON, Freda F.; HAUSER, David J.; NEHWADOWICH, Wayne. **The Influence of CODIS DNA Testing on the Arrest and Prosecution of Burglary and Sexual Assault Cases in New York City: An Exploratory Study**. CJA, Criminal Justice Agency. New York, 2011.
- SOUSA, Analicia Martins de. Leis em (com) nomes de vítimas: a ampliação do Estado polícia e a produção de subjetividades na contemporaneidade. **Estudos e Pesquisas em Psicologia**. v. 17. p. 951-969, 2017. Disponível em: <<https://doi.org/10.12957/epp.2017.37696>>. Acesso em: 21 nov. 2020.
- SOUZA, Jessé. **A ralé brasileira: quem é e como vive**. 3 ed. São Paulo: Contracorrente, 2020.
- STRUYF, Pia et al. The effectiveness of DNA databases in relation to their purpose and content: A systematic review. **Forensic science international**. v. 301. p. 371-381. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2019.05.052>>. Acesso em: 18 jan 2021.
- SZIBOR, Reinhard; HERING, Sandra, EDELMANN, Jeanett. The HumARA genotype is linked to spinal and bulbar muscular dystrophy and some further disease risks and should no longer be used as a DNA marker for forensic purposes. **Int. J. Legal Med.** v. 119. p. 179-180. 2005. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s00414-005-0525-0>>. Acesso em: 03 dez. 2020.
- TAVARES, Natália Lucero Frias; SANTORO, Antonio Eduardo Ramires. Os impactos do pacote anticrime no Banco Nacional de Perfis Genéticos. **Boletim IBCCRIM**. São Paulo. v. 28. p. 26-29, mai/2020.
- TAVARES, Natália Lucero Frias; GARRIDO, Rodrigo Grazinoli.; SANTORO, Antônio Eduardo Ramires. O Banco de Perfis Genéticos e a Estigmatização Perpétua: uma Análise do art. 9º-A da Lei 7.210/84 à Luz da Criminologia Crítica. **Revista Jurídica**.

- v. 4. p. 207-226. 2016. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.21902/revistajur.2316-753X.v4i45.1795>>. Acesso em: 06 mar. 2021.
- TAYLOR, Ralph B. et al. Revise policies mandating offender DNA collection. **Criminology & Pub. Pol'y**, v. 6. p. 851. 2007.
- THE ENCODE PROJECT CONSORTIUM. An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome. **Nature**. v. 489. p. 57-74. 2012. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/nature11247>>. Acesso em: 02 dez. 2020.
- TRINDADE, Bruno Rodrigues; NETO, João Costa. A genética forense a serviço do iluminismo. **Revista Perícia Federal: Pau d'Arco**. Brasília, ano XVIII, n. 40. p. 15-18. Dezembro, 2017.
- TSELONI, Andromachi, PEASE, Ken. DNA retention after arrest: Balancing privacy interests and public protection. **European Journal of Criminology**. v. 8. p. 32-47. 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/1477370810372133>>. Acesso em: 30 jan. 2021.
- TOWNSLEY, Michael; SMITH, Chloe; PEASE, Ken. First Impressions Count: Serious detections arising from Criminal Justice Samples. **Genomics, Society and Policy**. v. 2. p. 28-40. 2006. Disponível em: <<http://hdl.handle.net/10072/25172>>. Acesso em: 16 jan. 2021.
- VAN OORSCHOT, Roland; JONES, Maxwell. DNA fingerprints from fingerprints. **Nature**. v. 387. p. 767. 1997. <<https://doi.org/10.1038/42838>>. Acesso em: 22 dez. 2020.
- VARGAS, Joana Domingues. Indivíduos sob suspeita: a cor dos acusados de estupro no fluxo do sistema de justiça criminal. **Dados**. v. 42. n. 4. p. 729-760, 1999.
- VAUHKONEN, Hanna et al. Evaluation of gastrointestinal cancer tissues as a source of genetic information for forensic investigations by using STRs. **Forensic Science International**. v. 139. p. 159-167. 2004. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2003.10.016>>. Acesso em: 05 dez. 2020.
- WALLACE, Helen. A nova base de dados de DNA brasileira: solução de crimes ou erosão de direitos humanos?. **Revista Politics**. Politics 13. p. 2-12. Setembro/2012. Disponível em: <<https://politics.org.br/>>. Acesso em: 11 nov. 2020.
- WALLACE, Helen et al. Forensic DNA databases—Ethical and legal standards: A global review. **Egyptian Journal of Forensic Sciences**. v. 4. p. 57-63. 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.ejfs.2014.04.002>>. Acesso em: 04 jan. 2021.
- WALLACE, Helen. **Prejudice, stigma and DNA databases**. Genewatch, 2008.
- WALKER, Samuel. POLICE DNA “SWEEPS” EXTREMELY UNPRODUCTIVE: A National Survey of Police DNA “Sweeps”. **Department of Criminal Justice. University of Nebraska at Omaha**. September, 2004. Disponível em: <<https://samuelwalker.net/issues/dna-sweep-arrests>> Acesso em: 08 fev. 2021.

- WALSH, Simon J. et al. Comparing the growth and effectiveness of forensic DNA databases. **FSI: Genetics Supplement Series**. v. 1. P. 667-668. 2008. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2007.11.011>>. Acesso em: 25 dez. 2020.
- WALSH, Simon J.; CURRAN, James M.; BUCKLETON, John S. Modeling forensic DNA database performance. **Journal of forensic sciences**. v. 55. p. 1174-1183. 2010. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1556-4029.2010.01426.x>>. Acesso em: 16 mar. 2021.
- WATSON, James D. **DNA: o segredo da vida**. (Tradução Carlos Afonso Malferrari). São Paulo: Companhia de Letras, 2005.
- WEIDMAN, Dale. **Does DNA and Video Surveillance Assist in Solving Homicides**. 2017. Master's Thesis, University of the Fraser Valley, Abbotsford, BC, Canada. Disponível em: <<https://ufv.arcabc.ca/islandora/object/ufv%3A5513>>. Acesso em: 10 jan. 2021.
- WERMUTH, Maiquel Ângelo Dezordi. Política criminal atuarial: contornos biopolíticos da exclusão penal. **Revista Direito e Práxis**. v. 8. p. 2043-2073. 2017.
- WELLS, William; FANSHER, Ashley K.; CAMPBELL, Bradley A. The results of CODIS-Hit investigations in a sample of cases with unsubmitted sexual assault kits. **Crime & Delinquency**. v. 65. p. 122-148. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1177/0011128717732506>>. Acesso em: 05 jan 2021.
- WILES, Paul; COSTELLO, Andrew. The 'road to nowhere': the evidence for travelling criminals. **Home Office Research Study**. v. 207. p. 1-2. 2000. Disponível em: <[https://popcenter.asu.edu/sites/default/files/tools/offender\\_interviews/PDFs/WilesCostello.pdf](https://popcenter.asu.edu/sites/default/files/tools/offender_interviews/PDFs/WilesCostello.pdf)>. Acesso em: 2 nov. 2020.
- WILLIAMS, Robin; JOHNSON, Paul. Inclusiveness, effectiveness and intrusiveness: issues in the developing uses of DNA profiling in support of criminal investigations. **The Journal of Law, Medicine & Ethics**. v. 33. p. 545-558. 2005. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1748-720X.2005.tb00517.x>>. Acesso em: 02 fev. 2021.
- WILLIAMS, Robin; JOHNSON, Paul. Circuits of surveillance. **Surveillance & society**. v. 2. p. 1-14. 2004. Disponível em: <<https://doi.org/10.1901/jaba.2004.2-1>>. Acesso em: 10 mar. 2021.
- WURMB-SCHWARK, Nicole Von et al. Association of TH01 with human longevity revisited. **Eur. J. Hum. Genet.** v. 19. p. 924-927. 2011. Disponível: <<https://doi.org/10.1038/ejhg.2011.43>>. Acesso em: 02 dez. 2020.
- WYNER, Nicole; BARASH, Mark; MCNEVIN, Dennis. Forensic Autosomal Short Tandem Repeats and Their Potential Association With Phenotype. **Frontiers in Genetics**. v. 11. p. 884. 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00884>>. Acesso em: 04 dez. 2020.
- YANG, Chun et al. Case-control study of allele frequencies of 15 short tandem repeat loci in males with impulsive violent behavior. **Shanghai archives of psychiatry**. v. 25. p. 354-

363. 2013. <<https://doi.org/10.3969/j.issn.1002-0829.2013.06.004>>. Acesso em: 05 dez. 2020.

YOON, Hye Ryoung; PARK, Young Suk.; KIM, Young Kee. Rapid Prenatal Detection of Down and Edwards Syndromes by Fluorescent Polymerase Chain Reaction with Short Tandem Repeat Markers. **Yonsei Med J.** v. 43. p. 557-566. Disponível em: <<https://doi.org/10.3349/ymj.2002.43.5.557>>. Acesso em: 05 dez. 2020.

## Documentos

AUSTRALIAN STRATEGIC POLICY INSTITUTE. **Genomic surveillance:** Inside China's DNA dragnet. Policy Brief, 2020.

BRASIL. Câmara dos Deputados. **PL nº 3668/19.** Disponível em: <<https://www.camara.leg.br/proposicoesWeb/fichadetramitacao?idProposicao=2208914>>. Acesso em: 25 dez. 2020.

BRASIL. Câmara dos Deputados. **PL nº 238/19.** Disponível em: <<https://www.camara.leg.br/proposicoesWeb/fichadetramitacao?idProposicao=2190775>>. Acesso em: 25 dez. 2020.

BRASIL. Senado Federal. **PLS nº 67/18.** Disponível em: <<https://www25.senado.leg.br/web/atividade/materias/-/materia/132368>>. Acesso em: 25 dez. 2020.

BRASIL. **Decreto nº 7.950, de 12 de março de 2013.** DOU 13.03.2013. Disponível em: <[http://www.planalto.gov.br/ccivil\\_03/\\_ato2011-2014/2013/decreto/d7950.htm](http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2011-2014/2013/decreto/d7950.htm)>. Acesso em: 13 out. 2020.

BRASIL. **Decreto nº 7.950, de 12 de março de 2013.** DOU 13.03.2013. Disponível em: <[http://www.planalto.gov.br/ccivil\\_03/\\_ato2011-2014/2013/decreto/d7950.htm](http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2011-2014/2013/decreto/d7950.htm)>. Acesso em: 13 out. 2020.

BRASIL. **Decreto-Lei, nº 2.848, de 07 de dezembro de 1940.** DOU 31.12.1940. Disponível em: <[http://www.planalto.gov.br/ccivil\\_03/Decreto-Lei/Del2848compilado.htm](http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/Decreto-Lei/Del2848compilado.htm)>. Acesso em: 13 out. 2020.

BRASIL. **Código de Processo Penal.** Decreto-Lei nº 3.869, 03 de outubro de 1941. DOU 13.10.1941. Disponível em: <[http://www.planalto.gov.br/ccivil\\_03/Decreto-Lei/Del3689Compilado.htm](http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/Decreto-Lei/Del3689Compilado.htm)>. Acesso em: 13 out. 2020.

BRASIL. **Lei de Execução Penal.** Lei nº 7.210, de 11 de julho de 1984. DOU 13.7.1984. Disponível em: <[http://www.planalto.gov.br/ccivil\\_03/LEIS/L7210compilado.htm](http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/LEIS/L7210compilado.htm)>. Acesso em: 12 dez. 2020.

BRASIL. RIBPG. **Manual De Procedimentos Operacionais Da RIBPG.** (versão 4) - Resolução nº 14. DOU 19.12.2019. Brasília, 2019. Disponível em:



<<https://www.justica.gov.br/sua-seguranca/seguranca-publica/ribpg/manual>>. Acesso em: 12 dez. 2020.

BRASIL. **Ministério da Justiça e Segurança Pública**. Projeto de Lei Anticrime. (2019). Disponível em: <<https://www.justica.gov.br/news/collective-nitf-content-1549284631.06/projeto-de-lei-anticrime.pdf>>. Acesso em 27 nov. 2019.

BRASIL. RIBPG. **Resoluções**. Brasília. Disponível em: <<https://www.justica.gov.br/sua-seguranca/seguranca-publica/ribpg/resolucoes>>. Acesso em: 14 dez. 2020.

BRASIL. RIBPG. **Relatório**. Brasília. Disponível em: <<https://www.justica.gov.br/sua-seguranca/seguranca-publica/ribpg/relatorio>>. Acesso em: 06 dez. 2020.

BRASIL. **Identificação Criminal do Civilmente Identificado**. Lei nº 12.037, de 01 de outubro de 2009. DOU 02.10.2009. Disponível em: <[http://www.planalto.gov.br/ccivil\\_03/\\_ato2007-2010/2009/lei/l12037.htm](http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2007-2010/2009/lei/l12037.htm)>. Acesso em: 12 dez. 2020.

CLÍNICA DE DIREITOS HUMANOS|BIOTECJUS (CDH|UFPR). **Memoriais. Recurso Extraordinário nº 973.837**. p. 1-206. Disponível em: <<http://redir.stf.jus.br/paginadorpub/paginador.jsp?docTP=TP&docID=726317153&prcID=4991018>>. Acesso em: 08 dez. 2020.

DISTRICT OF COLUMBIA DC. **Stat 22-4151**. Qualifying offenses. Disponível em: <<https://code.dccouncil.us/dc/council/code/sections/22-4151.html>>. Acesso em: 25 fev. 2020.

ENFSI. ENFSI DNA Working Group. **DNA Database Management Review and Recommendations**. April, 2017. Disponível em: <<https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2017/09/DNA-databasemanagement-review-and-recommendatations-april-2017.pdf>>. Acesso em: 01 dez. 2020.

EUR-Lex. **Access to European Union Law**. Aprofundamento da cooperação transfronteiras (Decisão Prüm). 04.04.2020. Disponível em: <<https://eur-lex.europa.eu/legal-content/PT/TXT/?uri=LEGISSUM%3Ajl0005>>. Acesso em: 03.12.2020.

EUROPEAN COURT OF HUMAN RIGHTS. **Case of S. & Marper vs. The United Kingdom**. 12.04.2008. Disponível em: <<https://hudoc.echr.coe.int/eng-press#%7B%22itemid%22:%5B%22003-2571936-2784147%22%5D%7D%7D>>. Acesso em: 17 dez. 2020.

FÓRUM BRASILEIRO DE SEGURANÇA PÚBLICA. **Anuário Brasileiro de Segurança Pública**. Atualizado em 19.10.2020. Disponível em: <<https://forumseguranca.org.br/anuario-brasileiro-seguranca-publica/>>. Acesso em: 04 fev. 2021.

FÓRUM BRASILEIRO DE SEGURANÇA PÚBLICA. **Visível e Invisível: A vitimização de mulheres no Brasil**. 2 ed. 2019. Disponível em: <<https://forumseguranca.org.br/publicacoes/>>. Acesso em: 04 fev. 2021.

- GOV. UK. Home Office. **National DNA Database documents**. London, September, 2020. Disponível em: <<https://www.gov.uk/government/collections/dna-database-documents#reports>>. Acesso em: 05 jan. 2020.
- GOVERNMENT OF CANADA. **DNA Identification Act (S.C. 1998, c. 37)**. Disponível em: <<https://laws-lois.justice.gc.ca/eng/acts/d-3.8/page-4.html#docCont>>. Acesso em: 02 jan. 2021.
- INSTITUTOSUDAPAZ. **Onde mora a impunidade? 3ª edição – 2020**. Disponível em: <<http://soudapaz.org/>>. Acesso em: 04 fev. 2020.
- INTERPOL. **Best Practice Principles: Recommendations for the Establishment of a National DNA Database**. Disponível em: <<https://www.interpol.int/How-we-work/Forensics/DNA>>. Acesso em: 24 out. 2020.
- INTERPOL. **Disaster Victim Identification Guide**. 2018. Disponível em: <<https://www.interpol.int/How-we-work/Forensics/Disaster-Victim-Identification-DVI>>. Acesso em: 13 dez. 2020.
- INTERPOL. **Global DNA Profiling Survey Results 2019**. Disponível em: <<https://www.interpol.int/How-we-work/Forensics/DNA>>. Acesso em: 24 out. 2020.
- INTERPOL. **Interpol handbook on DNA data exchange and practice: recommendations from the Interpol DNA monitoring expert group**. 2 ed. 2009.
- JUSTICE US LAW. **Md Code § 2-506, 2010**. Public Safety. Department of State Police, Statewide DNA Data Base System, Storage of DNA records and DNA samples. Disponível em: <<http://law.justia.com/codes/maryland/2010/public-safety/title-2/subtitle-5/2-502/>>. Acesso em: 25 fev. 2020.
- NATIONAL ARCHIVES. **DNA-Sample Collection From Immigration Detainees**. 2019. Disponível em: <<https://www.federalregister.gov/documents/2019/10/22/2019-22877/dna-sample-collection-from-immigration-detainees>>. Acesso em: 30 mar. 2021.
- NATIONAL INSTITUTE OF JUSTICE (NIJ) et al. **Using DNA to Solve Cold Cases: Special Report**, 2002.
- NCBI. **Genome. Homo Sapiens (human)**. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=homo+sapiens>>. Acesso em: 29 set. 2020.
- NCBI. **Nucleotide. Homo sapiens mitochondrion, complete genome**. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/251831106>>. Acesso em: 03 out. 2020.
- NEDERLAND. **Code of Criminal Procedure**. Disponível em: <[http://www.ejtn.eu/PageFiles/6533/2014%20seminars/Omsenie/WetboekvanStrafvoeding\\_ENG\\_PV.pdf](http://www.ejtn.eu/PageFiles/6533/2014%20seminars/Omsenie/WetboekvanStrafvoeding_ENG_PV.pdf)>. Acesso em: 23 fev. 2020.
- NPIA. **National DNA Database (NDNAD): Full Equality Impact Assessment**. London: National Policing Improvement Agency, 2009.

WILES, Paul. **Annual Report 2016: Commissioner for the Retention and Use of Biometric Material**. Office of the Biometrics Commissioner, London, 2017.

ROYAL CANADIAN MOUNTED POLICE. **Annual reports for the National DNA Data Bank**. 04.02.2021. Disponível em: <<https://www.rcmp-grc.gc.ca/en/forensics/annual-reports-national-dna-data-bank>>. Acesso em: 16 jan. 2021.

SINHORETTO, Jacqueline; DE AZEVEDO, Rodrigo Ghiringhelli. Relatório de pesquisa enviado ao CNPQ. **Policiamento e relações raciais: estudo comparado sobre formas contemporâneas de controle do crime**, 2020. Disponível em: <<http://www.gevac.ufscar.br/wp-content/uploads/2020/09/policiamento-ostensivo-rel-raciais-2020.pdf>>. Acesso em: 2 mar. 2021.

STF. **RE 973.837**. Plenário. Rel. Min. Gilmar Mendes. DJe nº 217, 11/10/16. Disponível em: <<http://www.stf.jus.br/portal/processo/verProcessoDetalhe.asp?incidente=4991018>>. Acesso em: 20 dez. 2020.

STF. **RE 973.837**. Plenário. Rel. Min. Gilmar Mendes. Armazenamento de perfis genéticos de condenados por crimes violentos ou hediondos. Audiência Pública. Brasília, 2017. Disponível em: <[http://www.stf.jus.br/arquivo/cms/audienciasPublicas/anexo/Transcricoes\\_Armazenamento\\_de\\_Perfis\\_Geneticos.pdf](http://www.stf.jus.br/arquivo/cms/audienciasPublicas/anexo/Transcricoes_Armazenamento_de_Perfis_Geneticos.pdf)>. Acesso em: 20 jan. 2021.

STF. **RHC 128.096**. Plenário. Rel. Min. Marco Aurélio. DJe nº 217, 18.12.2018. Disponível em: <<http://portal.stf.jus.br/processos/detalhe.asp?incidente=4770554>>. Acesso em: 20 dez. 2020.

SUPREME COURT OF THE UNITED STATES. **Maryland v. King**. October Term, 2012. Disponível em: <[https://www.supremecourt.gov/opinions/12pdf/12-207\\_d18e.pdf](https://www.supremecourt.gov/opinions/12pdf/12-207_d18e.pdf)>. Acesso em: 17 dez. 2020.

SWGDM. **Interpretation Guidelines for Mitochondrial DNA Analysis by Forensic DNA Testing Laboratories**. 23.04.2019. p. 1-26. Disponível em: <<https://www.swgdam.org/publications>>. Acesso em: 18 out. 2020.

SWGDM. **Recommendations to the FBI Director on the “Interim Plan for the Release of Information in the Event of a ‘Partial Match’ at NDIS”**. October, 2009. Disponível em: <<https://www.swgdam.org/publications>>. Acesso em: 8 fev. 2020.

TRIBUNAL DE JUSTIÇA DE SÃO PAULO. **HC 2057654-47.2019.8.26.0000**. Rel. Des. Fátima Gomes. Julgado em: 13.02.2020. Disponível em: <<https://esaj.tjsp.jus.br/cjsj/getArquivo.do?cdAcordao=13383757&cdForo=0>>. Acesso em: 20 jan. 2021

U.S. CONGRESS. Office of Technology Assessment. **Genetic Witness: Forensic Uses of DNA Tests**. July 1990. OTA-BA-438. Washington, DC: U.S. Government Printing Office. Disponível em: <<https://www.princeton.edu/~ota/disk2/1990/9021/9021.PDF>>. Acesso em: 24 out. 2020.

## Notícias/Informações

APCF. **APCF defende projeto de lei sobre coleta de DNA de presos**. 22.08.2019. Disponível em: <<https://apcf.org.br/noticias/apcf-defende-projeto-de-lei-sobre-coleta-de-dna-de-presos/>>. Acesso em: 29 dez. 2020.

ALKAMARA. **KUWAIT: Constitutional Court Rules Against DNA Law in Move to Protect Right to Privacy**. 11.10.2017. Disponível em: <<https://www.alkarama.org/en/articles/kuwait-constitutional-court-rules-against-dna-law-move-protect-right-privacy>>. Acesso em: 1 mar. 2021

BBC NEWS. **Huduma Namba: Kenya court halts biometric ID over data fears**. 31.01.2020. Disponível em: <<https://www.bbc.com/news/world-africa-51324954>>. Acesso em: 1 mar. 2021.

COBAIN, Ian Cobain. Killer breakthrough – the day DNA evidence first nailed a murderer. **The Guardian**. 07.06.2016. Disponível em: <<https://www.theguardian.com/uk-news/2016/jun/07/killer-dna-evidence-genetic-profiling-criminal-investigation#img-3>>. Acesso em: 05 set. 2020.

CONSELHO NACIONAL DO MINISTÉRIO PÚBLICO. **Motivação dos crimes de homicídios**. Disponível em: <<https://www.cncmp.gov.br/portal/images/stories/Noticias/2012/Apresentao2.pdf>>. Acesso em: 06 fev. 2021.

CROMIE, William J. Catching criminals through their relatives' DNA. **The Harvard Gazette**. 05.18.2006. Disponível em: <<https://news.harvard.edu/gazette/story/2006/05/catching-criminals-through-their-relatives-dna-2/>>. Acesso em: 15 fev. 2020.

DNAResource. Disponível em: <<http://www.dnaresource.com/>>. Acesso em: 11 nov. 2020.

DNARecourse. **Chicago's Study on Preventable Crimes**. 2005. Disponível em: <<http://www.dnasaves.org/files/ChicagoPreventableCrimes.pdf>>. Acesso em: 12 nov. 2020.

DNARecourse. **Forensic DNA Testing Fingerprints of the 21st Century**. Sem data. Disponível em: <<http://www.dnaresource.com/documents/reasonsforexpansion.pdf>>. Acesso em: 12 fev. 2020.

DNA Saves. Disponível em: <<http://www.dnasaves.org/>>. Acesso em: 01 mar. 2021.

DOLEAC, Jennifer. **Do Databases of Criminal Offenders Help Reduce Crime?**. 12.05.2017. Disponível em: <<https://medium.com/@jenniferdoleac>>. Acesso em: 30 jan. 2021.

ELIGON, John. Albany Bill to Expand DNA Database Fuels a Political Fight. 01.31.2012. **The New York Times**. Disponível em: <<https://www.nytimes.com/2012/02/01/nyregion/bill-to-expand-dna-database-fuels-fight-in-albany.html>>. Acesso em: 29 jan. 2021.

ESTADOS UNIDOS. FBI. **Combined DNA Index System (CODIS)**. Disponível em: <<https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis>>. Acesso em: 24 out. 2020.

ESTADOS UNIDOS. FBI. **CODIS – NDIS Statistics**. Disponível em: <<https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis/ndis-statistics>>. Acesso em: 27 dez. 2020.

ESTADOS UNIDOS. FBI. **Rapid DNA**. Disponível em: <<https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis/ndis-statistics>>. Acesso em: 27 jan. 2020.

ESTADOS UNIDOS. FBI. **Frequently Asked Questions on CODIS and NDIS**. Disponível em: <<https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis/codis-and-ndis-fact-sheet>>. Acesso em: 24 out. 2020.

FORENSIC DNA EDUCATION FOR LAW ENFORCEMENT DECISIONMAKERS. Disponível em: <<https://projects.nfstc.org/fse/13/13-02.html>>. Acesso em: 05 fev. 2021.

GAZETA DO POVO. **Polícia conclui inquérito e assassino de Rachel Genofre fica mais perto de júri popular**. 28.11.2019. Disponível em: <<https://www.gazetadopovo.com.br/curitiba/policia-conclui-inquerito-e-assassino-de-rachel-genofre-fica-mais-perto-de-juri-popular/>>. Acesso em: 1 mar. 2021.

G1. Minas Gerais. **'Maníaco de Contagem' é condenado pela quinta vez na Grande BH**. 07.02.2018. Disponível em: <<https://g1.globo.com/mg/minas-gerais/noticia/maniaco-de-contagem-e-condenado-pela-quinta-vez-na-grande-bh.ghtml>>. Acesso em: 18 nov. 2020.

GORDON THOMAS HONEYWELL – GA. Disponível em: <<http://www.gth-gov.com/index.html>>. Acesso em: 12 nov. 2020.

GOVERNO FEDERAL. Ministério da Justiça e Segurança Pública. **Quase 2 mil investigações são auxiliadas pelo Banco Nacional de Perfis Genéticos**. 11.12.2020. Disponível em: <<https://www.gov.br/mj/pt-br/assuntos/noticias/quase-2-mil-investigacoes-sao-auxiliadas-pelo-banco-nacional-de-perfis-geneticos>>. Acesso em: 15 dez. 2020.

GOVERNO FEDERAL. Ministério da Justiça e Segurança Pública. **Perfil genético: Investigação brasileira é reconhecida com a 3ª mais emblemática do mundo**. 17.05.2019. Disponível em: <<https://www.justica.gov.br/news/collective-nitf-content-1558179310.12>>. Acesso em: 15 dez. 2020.

GZH. **A história de um exame de DNA que inocentou preso por estupro no RS**. 19.12.2018. Disponível em: <<https://gauchazh.clicrbs.com.br/seguranca/noticia/2018/12/a-historia-de-um-exame-de-dna-que-inocentou-presos-por-estupro-no-rs-cjpv9b9pp0mie01rxub6d5kdh.html>>. Acesso em: 1 mar. 2021.

HUDUMA NAMBA. Disponível em: <<https://www.hudumanamba.go.ke/>>. Acesso em: 1 mar. 2021.

HUMAN RIGHTS WATCH. **China: Police DNA Database Threatens Privacy**. 15.05.2017. Disponível em: <<https://www.hrw.org/news/2017/05/15/china-police-dna-database-threatens-privacy>>. Acesso em: 1 mar. 2021.

HUMAN RIGHTS WATCH. **Kuwait: Court Strikes Down Draconian DNA Law**. 17.10.2017. Disponível em: <<https://www.hrw.org/news/2017/10/17/kuwait-court-strikes-down-draconian-dna-law>>. Acesso em: 1 mar. 2021.

INNOCENCE PROJECT. Disponível em: <<https://innocenceproject.org/>>. Acesso em: 13 nov. 2020.

INTERPOL. **DNA**. Disponível em: <<https://www.interpol.int/How-we-work/Forensics/DNA>>. Acesso em: 15 nov. 2020.

JORNAL DA CIDADE ONLINE. **Banco de perfis genéticos: agora ninguém escapa da lei!**. 09.12.2019. Disponível: <<https://www.jornaldacidadeonline.com.br/noticias/17687/banco-de-perfis-geneticos-agora-ninguem-escapa-da-lei-veja-o-video>>. Acesso em: 21 dez. 2020.

KADANUS, Kelli. Ampliação do banco de DNAs de condenados ficou de fora do pacote anticrime. Por quê? **Gazeta do Povo**. 05.12.2019. Disponível em: <<https://www.gazetadopovo.com.br/republica/banco-dnas-ampliacao-pacote-anticrime/>>. Acesso em: 21 dez. 2020.

KADANUS, Kelli. Como a recusa do Congresso em ampliar o banco de DNA de condenados favorece o crime. **Gazeta do Povo**. 11.01.2020. Disponível em: <<https://www.gazetadopovo.com.br/republica/banco-de-dna-condenados-retirado-pacote-anticrime-consequencias/>>. Acesso em: 21 dez. 2020.

NHGRI. **The Human Genome Project**. Disponível em: <<https://www.genome.gov/human-genome-project>>. Acesso em: 20 set. 2020.

NOVAES, Patrícia. Brasil terá banco de dados com amostras de DNA de criminoso. **Rádio Senado**. 30.05.2012. Disponível em: <<https://www12.senado.leg.br/radio/1/noticia/2012/05/30/brasil-tera-banco-de-dados-com-amostras-de-dna-de-criminoso>>. Acesso em: 18 nov. 2020.

POLÍCIA FEDERAL. **Polícia Federal recebe prêmio internacional por identificação dos autores de roubo milionário**. 24.06.2020. Disponível em: <<http://www.pf.gov.br/imprensa/noticias/2020/06-noticias-de-junho-de-2020/policia-federal-recebe-premio-internacional-por-identificacao-dos-autores-de-roubo-cinematografico>>. Acesso em: 10 mar. 2021

ROBBINS, Rebecca. The Golden State Killer Case Was Cracked with a Genealogy Web Site. **Scientific American**. April, 2018. Disponível em: <<https://www.scientificamerican.com/article/the-golden-state-killer-case-was-cracked-with-a-genealogy-web-site1/>>. Acesso em: 25 fev. 2020.



THE FORENSIC GENETICS POLICY INITIATIVE. Disponível em: <<http://dnapolicyinitiative.org/>>. Acesso em: 15 jan. 2021.

THE NATIONAL REGISTRY OF EXONERATIONS. Disponível em: <<https://www.law.umich.edu/special/exoneration/Pages/about.aspx>>. Acesso em: 13 mar. 2021.

THERMO FISHER SCIENTIFIC. Disponível em: <<https://corporate.thermofisher.com/en/about-us.html>>. Acesso em: 01 set. 2020.

UNIVERSITY OF LEICESTER. **The history of genetic fingerprinting**. Disponível em: <<https://www2.le.ac.uk/departments/genetics/jeffreys/history-gf>>. Acesso em: 06 set. 2020.

WILLING, Richard. DNA Matches Win Few Convictions in VA. **USA Today**. 07.11.2005. Disponível em: <[https://usatoday30.usatoday.com/news/nation/2005-11-07-dna-convictions\\_x.htm](https://usatoday30.usatoday.com/news/nation/2005-11-07-dna-convictions_x.htm)>. Acesso em: 27 dez. 2020.

WILLING, Richard. Many DNA Matches Aren't Acted On. **USA Today**, 21.11.2006. Disponível em: <[http://www.usatoday.com/news/nation/2006-11-20-dna-matches\\_x.htm](http://www.usatoday.com/news/nation/2006-11-20-dna-matches_x.htm)>. Acesso em: 02 jan. 2021.

### Informações

ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA. **Curso Básico Sobre o Banco de Perfis Genéticos e a Legislação Aplicada - 2020.X3**. 25.11.2020 a 28.02.2021. 50h. (curso online).

JACQUES, Guilherme. **Entrevista concedida à Revista Perícia Federal**. Brasília, ano XV, n. 46. p. 4-5. jun/2019.

JACQUES, Guilherme Silveira. Câmara dos Deputados. Legislação Penal e Processual Penal - Identificação genética e banco de perfis - 14/05/2019. **Audiência Pública Ordinária**. Disponível em: <<https://www.youtube.com/watch?v=z0J71pG2kkE&t=4972s>>. Acesso em: 12 dez. 2020. (vídeo - informação verbal).

JUNIOR, Ronaldo Carneiro da Silva; JACQUES, Guilherme Silveira. Ministério da Justiça e Segurança Pública. **Atualizações do Banco Nacional de Perfis Genéticos**. 04.12.2020. Disponível em: <<https://www.youtube.com/watch?v=gwSuOBnOdE8>>. Acesso em: 18 dez. 2020. (vídeo - informação verbal).

MACHADO, Leonardo Marcondes. Constitucionalidade da inclusão e manutenção de perfil genético de condenados por crimes violentos ou por crimes hediondos em banco de dados estatal – Tema 905. **IDP**. 20.07.2020. Disponível em: <<https://www.youtube.com/watch?v=AayexCS2lnc&t=1104s>>. Acesso em: 18 dez. 2020. (informação verbal).

MASSUDA, Thiago Y. C. Genética Forense. **Instituto Honorum**. 10h. 30.07.2020 a 01.08.2020. (curso online - informação verbal).



## APÊNDICE A

### Marcadores genéticos utilizados pelos principais *softwares* de armazenamento.

Cr.	NDNAD (UK) <sup>669</sup>		CODIS (EUA) <sup>670</sup>		CODIS (BR) <sup>671</sup>		ESS (PADRÃO) <sup>672</sup>		INTERPOL <sup>673</sup>	
	Ano	Locus	Ano	Locus	Ano	Locus	Ano	Locus	Obs.	Locus
1	2014	D1S1656	2017	D1S1656	Aceit.	D1S1656	2009	D1S1656	Ø	Ø
	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Aceit.	F13B
2	Ø	Ø	1997	TPOX	2013	TPOX	Ø	Ø	Aceit.	TPOX
	2014	D2S441	2017	D2S441	Aceit.	D2S441	2009	D2S441	Ø	Ø
	1999	D2S1338	2017	D2S1338	Aceit.	D2S1338	Ø	Ø	Aceit.	D2S1338
3	1999	D3S1358	1997	D3S1358	2013	D3S1358	1999	D3S1358	Obr.	D3S1358
4	1995	FGA	1997	FGA	2013	FGA	1999	FGA	Obr.	FGA
	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Aceit.	GABA
5	Ø	Ø	1997	D5S818	2013	D5S818	Ø	Ø	Aceit.	D5S818
	Ø	Ø	1997	CSF1PO	2013	CSF1PO	Ø	Ø	Aceit.	CSF1PO
6	2014	SE33	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Aceit.	SE33
	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Aceit.	F13A1
7	Ø	Ø	1997	D7S820	2013	D7S820	Ø	Ø	Aceit.	D7S820
8	1995	D8S1179	1997	D8S1179	2013	D8S1179	1999	D8S1179	Obr.	D8S1179
10	2014	D10S1248	2017	D10S1248	Aceit.	D10S1248	2009	D10S1248	Ø	Ø
11	1995	TH01	1997	TH01	2013	TH01	1999	TH01	Obr.	TH01
12	1995	vWA	1997	vWA	2013	vWA	1999	Vwa	Obr.	Vwa
	2014	D12S391	2017	D12S391	Aceit.	D12S391	2009	D12S391	Ø	Ø
	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Aceit.	CD4
13	Ø	Ø	1997	D13S317	2013	D13S317	Ø	Ø	Aceit.	D13S317
15	Ø	Ø	Ø	Ø	Aceit.	Penta E	Ø	Ø	Aceit.	Penta E
	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Ø	Aceit.	FES
16	1999	D16S539	1997	D16S539	2013	D16S539	Ø	Ø	Aceit.	D16S539
18	1995	D18S51	1997	D18S51	2013	D18S51	1999	D18S51	Obr.	D18S51
19	1999	D19S433	2017	D19S433	Aceit.	D19S433	Ø	Ø	Aceit.	D19S433
21	1995	D21S11	1997	D21S11	2013	D21S11	1999	D21S11	Obr.	D21S11
	Ø	Ø	Ø	Ø	Aceit.	Penta D	Ø	Ø	Aceit.	Penta D
22	2014	D22S1045	2017	D22S1045	Aceit.	D22S1045	2009	D22S1045	Ø	Ø
X/Y	Amelogenina		Amelogenina		Amelogenina		Amelogenina		Amelogenina	

“Cr.”: cromossomo onde está localizado o respectivo marcador; “Ano”: data de inclusão dos marcadores requeridos pelos respectivos bancos de dados (iniciais ou adicionais); “Aceit.”: marcadores não requeridos, porém aceitos para compor o perfil genético.

<sup>669</sup> Marcadores genéticos requeridos pelo banco nacional do Reino Unido – DNA-17.

<sup>670</sup> Marcadores genéticos requeridos pelo sistema CODIS do FBI.

<sup>671</sup> São 13 marcadores genéticos requeridos pelo CODIS no Brasil. Os demais são marcadores aceitos.

<sup>672</sup> Marcadores requeridos pelo *European Standard Set*.

<sup>673</sup> São 7 os Marcadores genéticos requeridos pela Interpol. Os demais são marcadores aceitos.

## APÊNDICE B

Visão Geral dos Estudos					
Indicador I – Detecção de crimes					
Autores	País	Tipos de Crimes	Objetivo	Metodologia	Resultados Principais
Mathew Gabriel et al. (01)	Estados Unidos	Crimes graves e de alto volume	Taxa de incapacitação potencial: Identificar o potencial do CODIS para prevenir ou restringir crimes futuros	Análise do histórico criminal de dois grupos identificados por meio de <i>cold hits</i> em bancos de perfis genéticos	Os obstáculos no sistema de justiça criminal mostram que o CODIS, por si só, pode ser mais eficaz na redução do crime por um curto período em crimes violentos e mais curto em crimes não violentos
Publicação	Período	Financiamento			
2010	2001 a 2006	Nenhum			
Autores	País	Tipos de Crimes	Objetivo	Metodologia	Resultados Principais
Alisson Brown (02)	Estados Unidos	Crimes graves e de alto volume	Taxa de resolução de crimes: Investigar os resultados dos <i>matches</i> do CODIS	Acompanhamento de 1.000 correspondências do CODIS	A maioria dos casos foram arquivados ou houve uma resolução de caso desconhecido. Aproximadamente 1/3 das correspondências obteve condenação
Publicação	Período	Financiamento			
2007	2006	Nenhum			
Autores	País	Tipos de Crimes	Objetivo	Metodologia	Resultados Principais
Anna Mapes et al. (03)	Holanda	Crimes graves e de alto volume	Taxa de identificação: Determinar o número de vezes em que os resultados de <i>cold hits</i> levaram à identificação de um suspeito	Monitoração de 2.907 casos: resultados de perfis genéticos, tempo de análise e quantidade de <i>cold hits</i>	Em 3% dos casos graves e 1% dos casos de alto volume, as correspondências resultaram em <i>cold hits</i>
Publicação	Período	Financiamento			
2015	2011	Stichting Innovatie Alliantie - SIA			
Autores	País	Tipos de Crimes	Objetivo	Metodologia	Resultados Principais
Tom Mcewen (04)	Estados Unidos	Vários	Taxa de resolução: Avaliar o papel e o impacto das provas forenses na investigação de crimes e no julgamento de réus	Rastreamento desde a coleta, o exame e resultados obtidos, bem como uso da prova forense	Sistemas como CODIS são benéficos em casos não resolvidos e sem suspeitos, em especial nos crimes contra a propriedade
Publicação	Período	Financiamento			
2011	2005 a 2008	National Institute of Justice			

Visão Geral dos Estudos					
Continuação – Detecção de crimes					
<b>Autores</b>	<b>País</b>	<b>Tipos de Crimes</b>	<b>Objetivo</b>	<b>Metodologia</b>	<b>Resultados Principais</b>
Dale Weidman (05)	Canadá	Homicídios	Taxa de resolução: Fornecer uma visão sobre o impacto do DNA e da vigilância por vídeo na resolução de crimes	Exame da investigação de 53 casos ocorridos	A vigilância por vídeo teve um impacto decididamente maior do que o DNA na resolução dos crimes
<b>Publicação</b>	<b>Período</b>	<b>Financiamento</b>			
2017	2011 a 2015	Nenhum			
<b>Autores</b>	<b>País</b>	<b>Tipos de Crimes</b>	<b>Objetivo</b>	<b>Metodologia</b>	<b>Resultados Principais</b>
Joseph Peterson et al. (06)	Estados Unidos	Homicídio	Taxa de identificação e condenação: Avaliar o papel desempenhado por vestígios forenses no processamento de 400 casos na justiça criminal	Análise prospectiva de registros oficiais desde a coleta até a decisão final no tribunal	Vestígios biológicos identificaram um suspeito em 5 casos. Em 3 casos os perfis genéticos foram carregados no CODIS, não resultando em nenhum <i>match</i>
<b>Publicação</b>	<b>Período</b>	<b>Financiamento</b>			
2010	2003	National Institute of Justice			
<b>Autores</b>	<b>País</b>	<b>Tipos de Crimes</b>	<b>Objetivo</b>	<b>Metodologia</b>	<b>Resultados Principais</b>
Joseph Peterson et al. (06)	Estados Unidos	Crimes Sexuais	Taxa de identificação e condenação: Avaliar o papel desempenhado por vestígios forenses no processamento de 602 casos na justiça criminal	Análise prospectiva de registros oficiais desde a coleta até a decisão final no tribunal	Vestígios biológicos associaram uma vítima a um suspeito em 10 casos. Desses, 9 perfis foram carregados no CODIS, obtendo 4 <i>matches</i> e um suspeito desconhecido foi identificado
<b>Publicação</b>	<b>Período</b>	<b>Financiamento</b>			
2010	2003	National Institute of Justice			
<b>Autores</b>	<b>País</b>	<b>Tipos de Crimes</b>	<b>Objetivo</b>	<b>Metodologia</b>	<b>Resultados Principais</b>
John Burrows et al. (07)	Reino Unido	Crimes de alto volume e roubo de veículos	Taxa de resolução de crimes: Monitorar as relações entre o uso do material forense e seu impacto na detecção de crimes	Exercício de avaliação de 1.208 identificações/ correspondências notificadas às sete divisões de <i>Pathfinder</i> , durante o período de 1 (um) ano	Os materiais forenses contribuíram para o esclarecimento de 883 casos (73%), sendo que em 75% (n = 666) a ligação forense foi essencial e em 45% a identificação provou ser a primeira ligação com o suspeito (desses, o DNA representou 46%)
<b>Publicação</b>	<b>Período</b>	<b>Financiamento</b>			
2005 (Publicado pela 1ª vez em 2004)	2000 a 2001	Home Office			

Visão Geral dos Estudos					
Continuação – Detecção de crimes					
<b>Autores</b>	<b>País</b>	<b>Tipos de Crimes</b>	<b>Objetivo</b>	<b>Metodologia</b>	<b>Resultados Principais</b>
Simon Ashikhmin et al. (08)	Estados Unidos	Crimes contra a propriedade	Taxa de acusação: Analisar, de forma quantitativa, a contribuição do CODIS para acusações em crimes de roubo	Comparação entre crimes registrados, acusações feitas e, dessas, a quantidade de casos utilizando CODIS	Crimes registrados: 6.538 roubos. Desses, 491 acusações feitas; desses, 400 casos com DNA; e, desses últimos, 130 casos com base em DNA <i>match</i>
<b>Publicação</b>	<b>Período</b>	<b>Financiamento</b>			
2008	2006	Nenhum			
<b>Autores</b>	<b>País</b>	<b>Tipos de Crimes</b>	<b>Objetivo</b>	<b>Metodologia</b>	<b>Resultados Principais</b>
John Roman et al. (09)	Estados Unidos	Crimes contra a propriedade (roubo)	Taxa de identificação, prisão e acusação: Estimar o impacto do uso de DNA em crimes de alto volume	Estudo experimental: Análise de 1.079 casos de tratamento (com DNA) e 1.089 casos de controle (sem DNA)	O uso do CODIS teve mais do que o dobro de suspeitos identificados, presos e casos aceitos para julgamento em comparação com a investigação tradicional
<b>Publicação</b>	<b>Período</b>	<b>Financiamento</b>			
2009	2005 a 2007	National Institute of Justice			
<b>Autores</b>	<b>País</b>	<b>Tipos de Crimes</b>	<b>Objetivo</b>	<b>Metodologia</b>	<b>Resultados Principais</b>
Shabana Admani et al. (10)	Estados Unidos	Crimes contra a Propriedade	Taxa de prisão: Determinar quais tipo de amostras biológicas levam a <i>cold hits</i> e resultam em prisões	Análise de 330 casos sem suspeitos	158 (48%) casos resultaram em <i>cold hits</i> e 83 (25%) prisões foram efetuadas. Amostras de sangue levam a 250% mais taxas de prisão
<b>Publicação</b>	<b>Período</b>	<b>Financiamento</b>			
2017	2010	Nenhum			
<b>Autores</b>	<b>País</b>	<b>Tipos de Crimes</b>	<b>Objetivo</b>	<b>Metodologia</b>	<b>Resultados Principais</b>
Gustavo Chemale et al. (11)	Brasil	Crimes contra a Propriedade	Taxa de identificação: Determinar quais tipo de amostras biológicas levam a mais identificações de suspeitos	Análise de 4.273 amostras de 1.072 casos	Em 134 casos, um indivíduo já havia sido identificado. Desses, em 53 casos ocorreu um <i>offender hit</i> (5%) e 32 <i>forensic hit</i>
<b>Publicação</b>	<b>Período</b>	<b>Financiamento</b>			
2016	2011 a 2016	Nenhum			



Visão Geral dos Estudos					
Continuação – Detecção de crimes					
<b>Autores</b>	<b>País</b>	<b>Tipos de Crimes</b>	<b>Objetivo</b>	<b>Metodologia</b>	<b>Resultados Principais</b>
Theodore Cross et al. (12)	Estados Unidos	Crimes sexuais	Taxa de prisão: Avaliar o impacto das amostras biológicas nas prisões nos casos em que o relatório do laboratório criminal foi disponibilizado primeiro	Estudo exploratório de 528 casos, relacionando o momento da conclusão do relatório laboratorial e as prisões	O relatório do laboratório ficou disponível antes ou quase a tempo da prisão em 11 casos. Desses, 2 casos tiveram um CODIS <i>hit</i> e em 3 casos levaram a detecções adicionais
<b>Publicação</b>	<b>Período</b>	<b>Financiamento</b>			
2014	2008 a 2010	National Institute of Justice to the University of Illinois			
<b>Autores</b>	<b>País</b>	<b>Tipos de Crimes</b>	<b>Objetivo</b>	<b>Metodologia</b>	<b>Resultados Principais</b>
Solomon et al. (13)	Estados Unidos	Crimes de roubo e sexuais	Taxa de prisão, acusação e condenação: Examinar o impacto dos perfis CODIS nas prisões e nos processos Judiciais de Nova York	Estudo exploratório, consistente na relação entre a obtenção de um perfil CODIS com a prisão e julgamento dos casos analisados	A presença de um perfil CODIS obtido antes da disposição do caso pode influenciar as convicções em, pelo menos, alguns elementos no processamento dos casos
<b>Publicação</b>	<b>Período</b>	<b>Financiamento</b>			
2011	2008	Nenhum			
<b>Autores</b>	<b>País</b>	<b>Tipos de Crimes</b>	<b>Objetivo</b>	<b>Metodologia</b>	<b>Resultados Principais</b>
Nígela Carvalho et al. (14)	Brasil	Crimes sexuais	Avaliar o potencial do banco de perfis genéticos do Estado de Goiás, Brasil	Análise de 275 amostras armazenadas, relativas a 214 casos, que foram coletadas entre 2004 a 2018, segundo critérios prévios	60 <i>matches</i> foram obtidos, auxiliando 32 investigações criminais
<b>Publicação</b>	<b>Período</b>	<b>Financiamento</b>			
2020	2004 a 2018	Nenhum			
<b>Autores</b>	<b>País</b>	<b>Tipos de Crimes</b>	<b>Objetivo</b>	<b>Metodologia</b>	<b>Resultados Principais</b>
Joseph Peterson et al. (15)	Estados Unidos	Crimes Sexuais	Taxa de resolução: Avaliar o papel desempenhado por provas forenses no sistema de justiça criminal	Comparar os resultados de 371 SAKs referentes a casos acumulados com os resultados de 371 SAKs referentes a casos recentes	Da amostra acumulada, nenhum resultado foi útil para o processamento dos casos. Dos casos recentes, 8 prisões, 19 processos e 42 condenações foram obtidas
<b>Publicação</b>	<b>Período</b>	<b>Financiamento</b>			
2012	1982 a 2009	National Institute of Justice			

Visão Geral dos Estudos					
Continuação – Detecção de crimes					
Autores	País	Tipos de Crimes	Objetivo	Metodologia	Resultados Principais
William Wells et al. (16)	Estados Unidos	Crimes sexuais	Taxa de acusação: examinar os resultados de investigações após <i>match</i> de amostras antigas	Coleta de dados sobre 491 casos: processamento das amostras e coleta dos resultados das investigações	De 104 <i>matches</i> , apenas uma acusação foi feita. A maioria estava prescrita (n=46) ou as vítimas estavam indisponíveis (n=26)
Publicação	Período	Financiamento			
2017	1989 a 2009	Nenhum			
Visão Geral dos Estudos					
Indicador II – Correlação entre crimes					
Autores	País	Tipos de Crimes	Objetivo	Metodologia	Resultados Principais
Samuel Ferreira et. al. (17)	Brasil	Crimes Sexuais	Demonstrar a experiência bem-sucedida do uso de banco de vestígios no auxílio às investigações criminais	Extração do perfil genético de vestígios em casos contendo suspeitos ou não	Os autores detectaram 78 autores de crimes sexuais em série por meio de 223 associações entre perfis forenses
Publicação	Período	Financiamento			
2015	1998 a 2015	Nenhum			
Autores	País	Tipos de Crimes	Objetivo	Metodologia	Resultados Principais
Rebecca Campbell et al. (18)	Estados Unidos	Crimes Sexuais	Taxa de identificação potencial: Avaliar os resultados das ocorrências do CODIS e a utilidade potencial dos materiais biológicos	Avaliação dos testes de 894 SAKs não testados em tempo hábil, bem como a relação entre vítima-autor	Testar SAKs de casos antigos pode ajudar na identificação de autores, na confirmação de suas identidades ou na descoberta de crimes sexuais em série
Publicação	Período	Financiamento			
2016	1980 a 2009	National Institute of Justice			
Autores	País	Tipos de Crimes	Objetivo	Metodologia	Resultados Principais
Rebecca Campbell et al. (19)	Estados Unidos	Crimes sexuais	Taxa de relação: Examinar como perfis genéticos podem complementar os históricos criminais para identificar indivíduos envolvidos em vários crimes sexuais	Avaliar quantos dos 7.287 SAKs analisados produziram um <i>offender hit</i> e se esse <i>match</i> estava relacionado a outro incidente de agressão sexual documentado no histórico criminal do Estado	Os testes de SAKs revelam um quadro mais completo dos comportamentos de agressores sexuais do que as informações documentadas apenas nos registros de histórico criminal
Publicação	Período	Financiamento			
2020	1980 a 2009	National Institute of Justice			

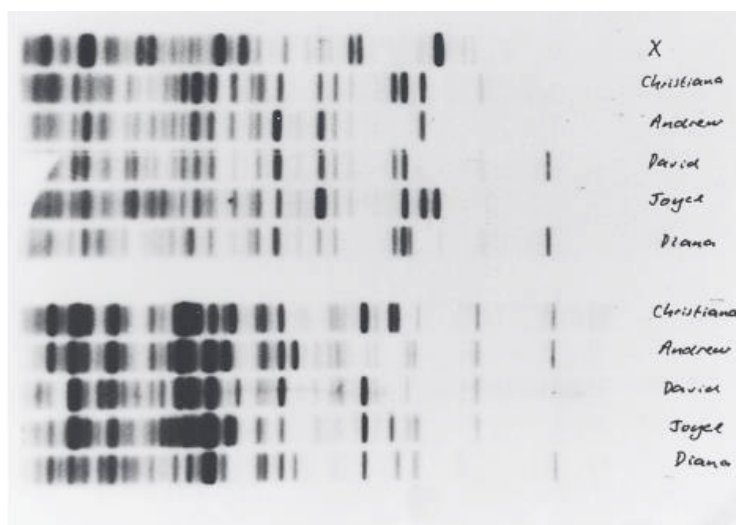
Visão Geral dos Estudos					
Indicador III – Efeito dissuasor					
Autores	País	Tipos de Crimes	Objetivo	Metodologia	Resultados Principais
Avinash Bhati et al. (20)	Estados Unidos	Crimes graves e de alto volume	Examinar se o conhecimento do infrator de que seu perfil de DNA foi inserido em um banco de perfis genéticos o impede de cometer crimes futuramente	Estudo quase experimental de um acompanhamento por 3 (três) anos de todos os prisioneiros liberados que tiveram (tratamento) e não tiveram (controle) o perfil genético coletado	Pequenos efeitos de dissuasão - reduções de 2–3% no risco de reincidência - foram encontrados apenas para roubo e furto. No entanto, PREs fortes - aumento de 20-30% no risco de reincidência - foram indicados para a maioria das categorias de crimes
Publicação	Período	Financiamento			
2014 (Publicado pela 1ª vez em 2010)	1996 a 2004	National Institute of Justice e Office of Justice Program			
Autores	País	Tipos de Crimes	Objetivo	Metodologia	Resultados Principais
Jennifer Doleac (21)	Estados Unidos	Crimes graves e contra a propriedade	Testar se a exigência do perfil genético tem um efeito dissuasor sobre o crime	Estudo quase experimental, comparando as taxas de reincidências de infratores liberados antes e depois da expansão dos bancos de perfis genéticos, em sete estados	A exigência de coleta de perfil genético reduz a probabilidade de uma nova condenação, dentro de cinco anos, em 17% em crimes graves e em 6% para crimes contra a propriedade
Publicação	Período	Financiamento			
2017	2000 a 2010	Hawley-Shoven Fellowship e John M. Olin – Stanford University			
Autores	País	Tipos de Crimes	Objetivo	Metodologia	Resultados Principais
Jennifer L. Doleac (21)	Estados Unidos	Crimes violentos e contra a propriedade	Taxa de criminalidade: Investigando o efeito causal do tamanho dos bancos de dados nas taxas de criminalidade	Utilizando uma estratégia de variáveis instrumentais, foram comparados dados anuais entre o tamanho do banco de perfis genéticos e as taxas de crimes em sete estados	A expansão das legislações implicou em uma redução das taxas anuais de crimes violentos em 7-45% e de crimes contra a propriedade em 5–35%
Publicação	Período	Financiamento			
2017	2000 a 2010	Hawley-Shoven Fellowship e John M. Olin – Stanford University			
Autores	País	Tipos de Crimes	Objetivo	Metodologia	Resultados Principais
Jennifer Doleac (22)	Estados Unidos	Crimes violentos e contra a propriedade	Taxa de criminalidade: Estimar o efeito da expansão do banco de dados estaduais nas taxas de criminalidade de outros estados	Utilizando uma estratégia de variáveis instrumentais, foram comparados o tempo de expansão de 47 bancos de dados estaduais com as taxas de criminalidade anual em cada estado	A expansão do banco de dados de outro estado aumenta a taxa de crimes violentos e de crimes contra a propriedade do próprio estado
Publicação	Período	Financiamento			
2016	2000 a 2014	National Institute of Justice e UVA Bankard Fund for Political Economy			

Visão Geral dos Estudos					
Continuação – Efeito Dissuasor					
Autores	País	Tipos de Crimes	Objetivo	Metodologia	Resultados Principais
Anne Anker et al. (23)	Dinamar-ca	Vários	Taxa de reincidência: Estudar os efeitos de adicionar perfis genéticos no banco de dados	Compara a taxa de reincidência antes e após a reforma de 2005, utilizando a estratégia de instrumentos variáveis	A probabilidade de reincidência é reduzida em até 43% no ano seguinte, após a coleta do perfil genético
Publicação	Período	Financiamento			
2019	2003 a 2007	Nenhum			
Visão Geral dos Estudos					
Indicador IV - Efeito incapacitante					
Autores	País	Tipos de Crimes	Objetivo	Metodologia	Resultados Principais
Mathew Gabriel et al. (01)	Estados Unidos	Crimes graves e de alto volume	Taxa de incapacitação potencial: Identificar o potencial do CODIS para prevenir ou restringir crimes futuros	Análise do histórico criminal de dois grupos identificados por meio de <i>cold hits</i> em bancos de dados	Os obstáculos no sistema de justiça criminal mostram que o CODIS, por si só, pode ser mais eficaz na redução de crime por um curto período para crimes violentos e mais curto em crimes não violentos
Publicação	Período	Financiamento			
2010	2001 a 2006	Nenhum.			
Visão Geral dos Estudos					
Indicador V – Papel exonerante					
Autores	País	Tipos de Crimes	Objetivo	Metodologia	Resultados Principais
Próprio (24)	[internet]	Crimes sexuais, Homicídio, Roubo e Agressões	Verificar o papel desempenhado pelos bancos de perfis genéticos nos casos de exonerações por DNA do <i>Innocence Project</i>	Revisão documental, analisando 192 exonerações do <i>Innocence Project</i> , ocorridos entre 1979 e 1997	Em 6% dos casos (n = 11), os bancos de perfis genéticos tiveram um papel de reforço na exoneração; e em 8% dos casos (n = 16), foram essenciais para a exoneração da pessoa condenada, ao localizar o possível verdadeiro autor
Publicação	Período	Financiamento			
Prejudicado	1992 a 2020	Prejudicado			

## ANEXOS

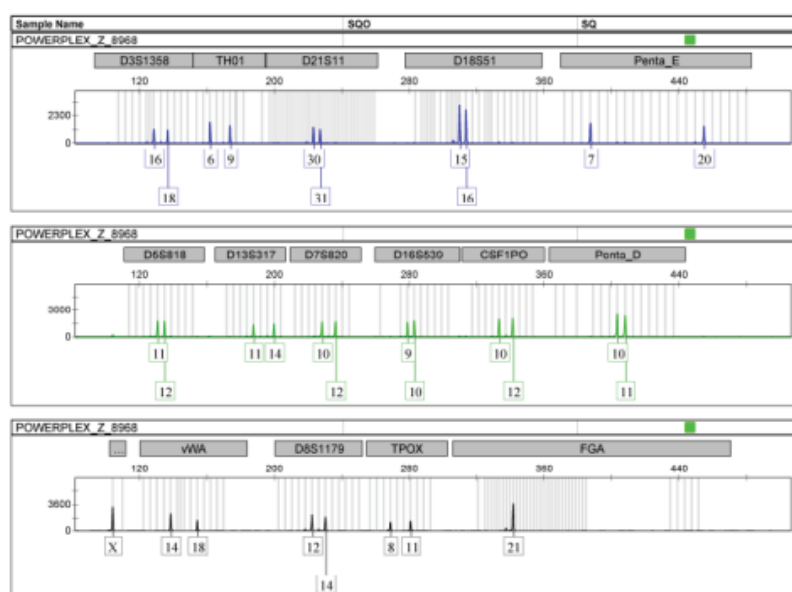
## ANEXO A

(a) Primeira aplicação da identificação genômica para determinar os verdadeiros pais de Andrew Sarbah. Cada uma das bandas no gel corresponde a um alelo de minissatélite, sendo que as bandas que não são compartilhadas pelas crianças com a mãe foram herdadas do pai. A amostra X é de um indivíduo não relacionado com a família.



Fonte: MICKLOS, D. A.; FREYER, G. A.; CROTTY, D. A. **A ciência do DNA**. 2. ed. Porto Alegre: Artmed, 2005. p. 280.

(b) Exemplo atual de “perfil genético em um caso de identificação forense gerado por determinação automática de tamanho de sequências de DNA.”



Fonte: AMORIM, A. Identificação genética através de análises de DNA. **Rev. Ciência Elem.** v. 7. 2019. Disponível em: <<http://doi.org/10.24927/rce2019.066>>. Acesso em: 20 out. 2020.



## ANEXO B

História de primeira página do *The Guardian* em 1988: “Genetic test traps girls’ killer”.

# Genetic test traps girls’ killer

By Paul Hoyland

A man who killed two 15-year-old girls and was caught as the result of the first mass screening for genetic fingerprints, was sent to prison for life yesterday. He had tried to avoid the test by talking a workmate into taking it instead.

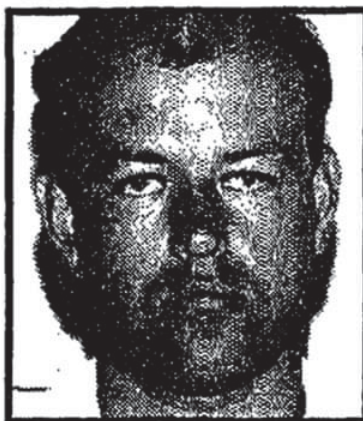
Mr Justice Otton, sentencing Colin Pitchfork, aged 27, at Leicester Crown Court, said he was a danger to young women. Had it not been for the development of the genetic fingerprint test, which identifies unique chromosome patterns from a sample of blood or saliva, he might still be at large.

Pitchfork, of Littlethorpe, near Leicester, who is married with two children, admitted strangling teenagers Lynda Mann and Dawn Ashworth in 1983 and 1986. He was sentenced to life imprisonment on two counts of murder, and was also gaoled for ten years on two counts of raping the girls.

He admitted two charges of indecently assaulting two other girls and was gaoled for three years on each count. He also

received three years for conspiring to pervert the course of justice by getting Ian Kelly to take his place on the genetic test. All sentences are to run concurrently.

Kelly, aged 23, of Leicester, admitted conspiracy and was jailed for two years, suspended for 18 months. The prosecution accepted that he did not know he was shielding the killer. The deception was revealed by another workmate.



**Colin Pitchfork: tried to avoid DNA-test**

The court heard that Pitchfork had killed Lynda Mann after driving his wife to an evening class. He left his four-month-old son in a carrycot in the car while he stalked the girl on a footpath near Narborough. He was alleged to have told police: “I ripped her clothes off and jumped on her and beat her up”.

Mr Brian Escott Cox, QC, prosecuting, said: “He exhibited great self control and what must have been a total lack of remorse — neither his wife, whom he picked up later, nor anyone else, suspected he had been involved in this terrible crime.”

Three years later he carried out the identical rape and murder of Dawn Ashworth, who suffered “appalling injuries”. A man working nearby heard her screams but thought someone was playing about.

Pitchfork told police he killed the girls because he feared they would identify him. The court heard he enjoyed exposing himself to young women and was a sexual psychotic.

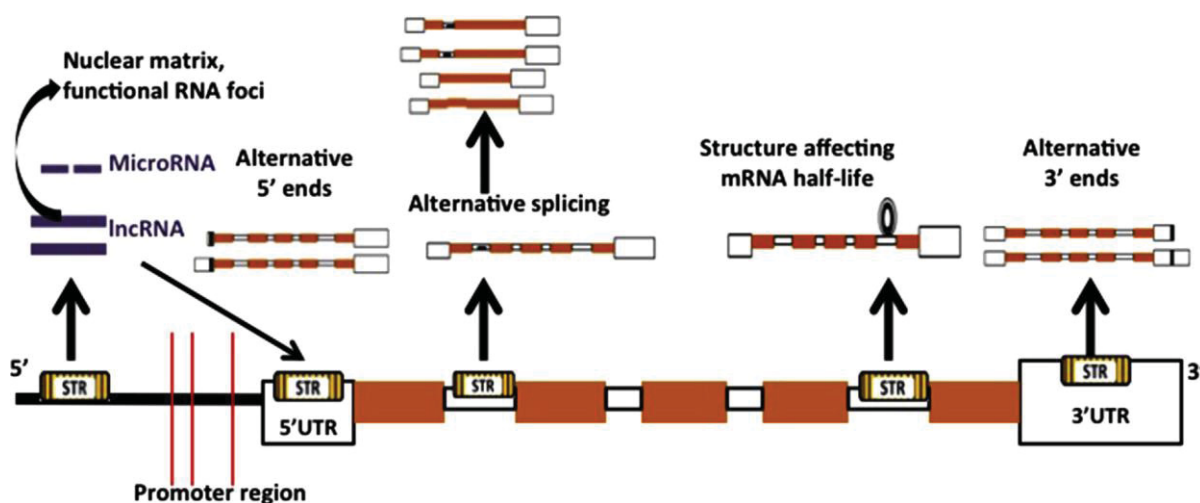
**Evasive double killer, page 4**

Fonte: THE GUARDIAN. Ian Cobain. **Killer breakthrough – the day DNA evidence first nailed a murderer.** 07.06.2016. Disponível em: <<https://www.theguardian.com/uk-news/2016/jun/07/killer-dna-evidence-genetic-profiling-criminal-investigation#img-3>>. Acesso em: 05 set. 2020. Fotografia: The Guardian.



## ANEXO C

“Intronic microsatellites can regulate splicing efficiency that can lead to exon skipping, intron inclusion or new splice site selection. STRs located in the UTRs can influence the locations of the start and end sites of transcription. Microsatellites transcribed can also affect the mRNA half-life, which may be due to formation of secondary structures such as hairpins.”



Fonte: HEGDE, Madhuri R.; CROWLEY, Michael R. *Genome and Gene Structure. Emery and Rimoin's Principles and Practice of Medical Genetics and Genomics*. 7 ed. Elsevier Academic Press: Los Angeles, 2019. p. 53-77. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/B978-0-12-812537-3.00004-4>>. Acesso em: 05 dez. 2020.

## ANEXO D

“Encontro de familiares das vítimas do Maníaco de Contagem, senadores e peritos criminais para discussão sobre o Projeto de Lei que daria origem à Lei 12.654/2012.”



Fonte: ACADEMIA NACIONAL DE POLÍCIA. *Curso Básico Sobre o Banco de Perfis Genéticos e a Legislação Aplicada - 2020.X3*. 25.11.2020 a 28.02.2021. 50h. (curso online).

Apresentação realizada por Tim Schellberg, em Chicago, Illinois, em 09 de agosto de 2011, e em Brasília, em 28 de julho de 2011.



Fonte: DNAResource. Disponível em: <<https://www.dnaresource.com/presentation>>. Acesso em: 11 nov. 2020.

## ANEXO E

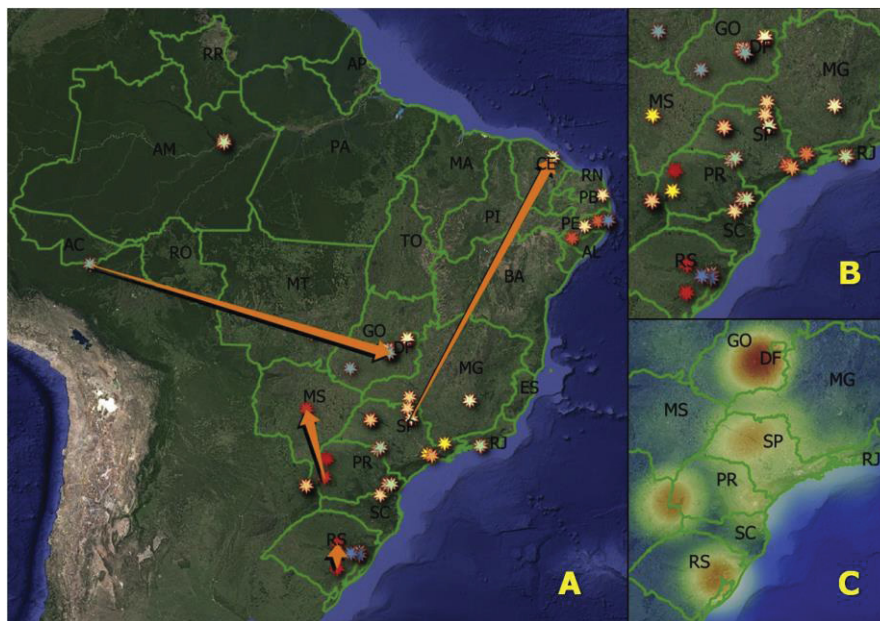
Exemplo de pesquisa familiar, compartilhando, ao menos, um alelo em cada *locus*.

Locus\Item	Offender Profile	Candidate (from a partial match)	
<b>D8S1179</b>	12,16	12	Moderate Stringency
<b>D7S820</b>	10	10,14	Moderate Stringency
<b>CSF1PO</b>	11	11,15	Moderate Stringency
<b>D3S1358</b>	17,18	17,18	High Stringency
<b>TH01</b>	6	6,9	Moderate Stringency
<b>D13S317</b>	11,12	11	Moderate Stringency
<b>D16S539</b>	9,12	9	Moderate Stringency
<b>vWA</b>	16	16,20	Moderate Stringency
<b>TPOX</b>	8,11	8,11	High Stringency
<b>D18S51</b>	13	13,15	Moderate Stringency
<b>Amelogenin</b>	XY	XY	High Stringency
<b>D5S818</b>	10,11	10	Moderate Stringency
<b>FGA</b>	22	21,22	Moderate Stringency

FORENSIC DNA EDUCATION FOR LAW ENFORCEMENT DECISIONMAKERS. Partial Matches. CODIS Searches and Partial Matches. Disponível em: <<https://projects.nfstc.org/fse/12/12-03.html>>. Acesso em: 05 fev. 2021

## ANEXO F

“Geolocalização de correspondências de BNPG: (A) relações de amostras; (B) região de alta ocorrência; (C) mapa de calor.”



Fonte: DA SILVA JUNIOR, Ronaldo Carneiro et al. Geolocation of the Brazilian National DNA Database matches as a tool for improving public safety and the promotion of justice. **FSI: Genetics Supplement Series**. v. 7. p. 549-551. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2019.10.086>>. Acesso em: 8 nov. 2020.